

Supplementary Table. 1 siRNA screen of tumor suppressor genes in HUVEC

Gene ID	Gene	Z score	Z SD
340061	STING1	-4.86	0.1
1613	DAPK3	-3.49	0.4
3661	IRF3	-3.43	0.2
8125	ANP32A	-2.87	0.4
8031	NCOA4	-2.70	0.7
1672	DEFB1	-2.54	0.0
10524	KAT5	-2.45	0.3
84632	AFAP1L2	-2.43	0.3
390	RND3	-2.43	0.2
51548	SIRT6	-2.42	0.6
51741	WWOX	-2.39	1.3
92304	SCGB3A1	-2.27	0.5
85403	EAF1	-2.27	0.6
29760	BLNK	-2.25	0.8
23047	PDS5B	-2.20	1.0
29110	TBK1	-2.18	0.2
29072	SETD2	-2.15	0.1
84816	RTN4IP1	-2.09	0.3
6767	ST13	-2.04	0.8
4853	NOTCH2	-2.00	0.8
6424	SFRP4	-1.98	0.2
388	RHOB	-1.98	0.8
29108	PYCARD	-1.97	0.3
5947	RBP1	-1.94	0.5
117581	TWIST2	-1.90	0.2
10641	NPRL2	-1.88	0.5
56998	CTNNBIP1	-1.87	0.4
2066	ERBB4	-1.86	0.2
23239	PHLPP1	-1.85	0.8
2810	SFN	-1.84	0.2
7403	KDM6A	-1.82	0.3
79633	FAT4	-1.81	0.3
7739	ZNF185	-1.78	0.3
7182	NR2C2	-1.74	0.3
55901	THSD1	-1.74	0.4
57510	XPO5	-1.74	1.4
27173	SLC39A1	-1.73	0.8
55259	CASC1	-1.73	0.3
7421	VDR	-1.73	0.2
55164	SHQ1	-1.72	0.2
8289	ARID1A	-1.71	0.4
11315	PARK7	-1.71	0.9
10253	SPRY2	-1.69	0.2
10481	HOXB13	-1.68	0.2

8314	BAP1	-1.67	0.4
3621	ING1	-1.65	0.4
8870	IER3	-1.64	0.4
8572	PDLIM4	-1.64	0.3
2132	EXT2	-1.63	0.1
200504	GKN2	-1.63	0.5
7879	RAB7A	-1.62	1.1
3417	IDH1	-1.61	0.4
5519	PPP2R1B	-1.61	0.4
1015	CDH17	-1.61	0.5
7869	SEMA3B	-1.61	0.8
4494	MT1F	-1.61	0.4
10637	LEFTY1	-1.61	0.5
355	FAS	-1.59	0.3
5909	RAP1GAP	-1.59	0.7
4495	MT1G	-1.59	0.2
54556	ING3	-1.58	0.7
7251	TSG101	-1.56	0.5
135138	PACRG	-1.56	0.3
695	BTK	-1.51	0.1
9891	NUAK1	-1.50	0.1
7422	VEGFA	-1.49	0.1
1264	CNN1	-1.47	0.6
43	ACHE	-1.43	0.1
375	ARF1	-1.43	0.2
7070	THY1	-1.42	0.3
3248	HPGD	-1.42	0.3
27113	BBC3	-1.42	0.3
639	PRDM1	-1.41	0.5
9770	RASSF2	-1.41	0.2
7248	TSC1	-1.41	0.2
7249	TSC2	-1.40	0.1
8404	SPARCL1	-1.40	0.1
2050	EPHB4	-1.39	0.2
27330	RPS6KA6	-1.39	0.3
10277	UBE4B	-1.39	0.3
8633	UNC5C	-1.38	0.7
2262	GPC5	-1.38	0.5
4916	NTRK3	-1.38	0.4
6041	RNASEL	-1.37	0.0
659	BMP2	-1.37	0.2
83787	ARMC10	-1.36	0.0
5771	PTPN2	-1.35	0.2
79893	GGNBP2	-1.35	1.1
1050	CEBPA	-1.34	0.3
222235	FBXL13	-1.34	0.4
79798	ARMC5	-1.32	0.0

7268	TTC4	-1.32	0.3
5795	PTPRJ	-1.30	0.3
51523	CXXC5	-1.30	1.7
185	AGTR1	-1.30	0.2
8379	MAD1L1	-1.29	0.2
4814	NINJ1	-1.28	0.2
27253	PCDH17	-1.28	0.2
10653	SPINT2	-1.27	0.3
5783	PTPN13	-1.27	0.5
2203	FBP1	-1.26	0.4
9940	DLEC1	-1.26	0.1
10210	TOPORS	-1.25	0.5
56999	ADAMTS9	-1.24	0.3
4311	MME	-1.24	0.3
54904	WHSC1L1	-1.22	0.4
23365	ARHGEF12	-1.20	0.0
4087	SMAD2	-1.19	0.0
445	ASS1	-1.18	0.1
84289	ING5	-1.18	0.6
1969	EPHA2	-1.18	1.1
4862	NPAS2	-1.18	0.4
11009	IL24	-1.17	0.4
8821	INPP4B	-1.17	0.5
84464	SLX4	-1.17	0.2
1437	CSF2	-1.17	0.3
9368	SLC9A3R1	-1.16	0.3
5934	RBL2	-1.16	0.4
5071	PARK2	-1.14	0.20
79626	TNFAIP8L2	-1.14	0.3
1894	ECT2	-1.14	0.4
11095	ADAMTS8	-1.13	0.4
2145	EZH1	-1.12	0.6
23671	TMEFF2	-1.12	0.3
8841	HDAC3	-1.12	0.7
2626	GATA4	-1.12	0.1
51473	DCDC2	-1.12	1.0
56981	PRDM11	-1.12	0.8
1756	DMD	-1.12	0.4
51100	SH3GLB1	-1.11	0.5
6050	RNH1	-1.11	0.4
153090	DAB2IP	-1.10	0.5
91608	RASL10B	-1.10	0.4
6297	SALL2	-1.09	0.0
1796	DOK1	-1.09	0.4
7048	TGFBR2	-1.07	0.5
688	KLF5	-1.06	0.2
55743	CHFR	-1.06	0.3

1030	CDKN2B	-1.06	0.2
92597	MOB1B	-1.06	0.2
2308	FOXO1	-1.06	0.4
57142	RTN4	-1.05	0.2
1080	CFTR	-1.05	0.4
8726	EED	-1.04	0.3
6597	SMARCA4	-1.04	0.3
5371	PML	-1.03	0.4
4899	NRF1	-1.03	0.6
6648	SOD2	-1.02	0.2
78986	DUSP26	-1.02	0.3
7832	BTG2	-1.02	0.2
463	ZFH3	-1.02	0.8
3605	IL17A	-1.02	0.2
347252	IGFBPL1	-1.01	0.4
122953	JDP2	-1.01	0.8
64579	NDST4	-1.01	0.4
7184	HSP90B1	-1.00	0.3
9113	LATS1	-1.00	0.2
8991	SELENBP1	-0.99	1.0
3094	HINT1	-0.98	0.3
7941	PLA2G7	-0.97	0.2
1739	DLG1	-0.97	0.1
59269	HIVEP3	-0.95	0.4
4144	MAT2A	-0.95	1.1
2114	ETS2	-0.95	0.2
219285	SAMD9L	-0.95	0.3
57575	PCDH10	-0.94	0.4
1643	DDB2	-0.94	0.3
8682	PEA15	-0.93	0.4
10788	IQGAP2	-0.93	0.4
7980	TFPI2	-0.93	0.3
8915	BCL10	-0.93	0.7
10904	BLCAP	-0.93	0.2
170692	ADAMTS18	-0.93	0.3
26260	FBXO25	-0.93	0.2
150094	SIK1	-0.89	0.1
65009	NDRG4	-0.89	0.5
2034	EPAS1	-0.89	0.2
2099	ESR1	-0.89	0.2
6390	SDHB	-0.89	1.0
5047	PAEP	-0.88	0.3
219699	UNC5B	-0.88	0.3
841	CASP8	-0.87	0.2
83593	RASSF5	-0.87	0.3
55630	SLC39A4	-0.87	0.1
4854	NOTCH3	-0.86	0.5

4601	MXI1	-0.86	0.1
7538	ZFP36	-0.86	0.2
5048	PAFAH1B1	-0.85	0.6
3337	DNAJB1	-0.85	0.6
8742	TNFSF12	-0.84	1.1
28996	HIPK2	-0.84	0.3
29119	CTNNA3	-0.84	1.0
7262	PHLDA2	-0.81	0.5
5333	PLCD1	-0.81	0.3
10550	ARL6IP5	-0.81	0.1
57410	SCYL1	-0.80	0.2
7982	ST7	-0.80	0.3
23152	CIC	-0.79	0.3
84152	PPP1R1B	-0.79	0.3
199	AIF1	-0.79	0.1
1500	CTNND1	-0.78	0.4
863	CBFA2T3	-0.78	0.1
2077	ERF	-0.78	0.3
196528	ARID2	-0.78	0.6
160492	LMNTD1	-0.77	0.3
84446	BRSK1	-0.77	0.2
23136	EPB41L3	-0.77	0.4
4640	MYO1A	-0.77	0.8
80013	FAM188A	-0.77	0.4
668	FOXL2	-0.76	0.3
29948	OSGIN1	-0.76	0.2
5157	PDGFRL	-0.76	0.2
1031	CDKN2C	-0.76	0.5
57531	HACE1	-0.75	0.5
23582	CCNDBP1	-0.75	0.4
84879	MFSD2A	-0.74	0.4
3273	HRG	-0.74	0.6
2189	FANCG	-0.74	0.1
23032	USP33	-0.74	0.8
84897	TBRG1	-0.74	0.3
5729	PTGDR	-0.73	0.7
1687	DFNA5	-0.73	0.6
1848	DUSP6	-0.73	0.5
5789	PTPRD	-0.73	0.3
3690	ITGB3	-0.72	0.2
7157	TP53	-0.72	0.1
93492	TPTE2	-0.72	0.3
4692	NDN	-0.72	0.2
26524	LATS2	-0.71	0.2
678	ZFP36L2	-0.70	0.1
81848	SPRY4	-0.70	0.4
26468	LHX6	-0.70	0.3

11107	PRDM5	-0.69	0.4
2932	GSK3B	-0.69	0.9
339967	TMPRSS11A	-0.69	0.33
7520	XRCC5	-0.69	0.2
5524	PPP2R4	-0.68	0.5
90627	STARD13	-0.68	0.4
56954	NIT2	-0.68	0.4
7345	UCHL1	-0.68	0.1
23512	SUZ12	-0.68	0.8
5468	PPARG	-0.67	0.4
10553	HTATIP2	-0.67	0.5
4502	MT2A	-0.66	0.8
2195	FAT1	-0.66	0.2
6793	STK10	-0.65	0.4
9093	DNAJA3	-0.65	0.3
9052	GPRC5A	-0.64	0.4
84934	RITA1	-0.64	0.2
7049	TGFBR3	-0.64	0.5
58189	WFDC1	-0.64	0.1
57586	SYT13	-0.64	1.0
7703	PCGF2	-0.62	0.4
84707	BEX2	-0.62	0.2
5788	PTPRC	-0.62	0.1
51474	LIMA1	-0.61	0.6
84872	ZC3H10	-0.61	0.7
2444	FRK	-0.61	0.6
55654	TMEM127	-0.61	0.1
838	CASP5	-0.61	0.45
1496	CTNNA2	-0.61	0.3
1026	CDKN1A	-0.60	0.5
55193	PBRM1	-0.60	0.3
56940	DUSP22	-0.60	0.2
657	BMPR1A	-0.60	0.7
2192	FBLN1	-0.59	0.3
5515	PPP2CA	-0.59	0.4
55748	CNDP2	-0.58	0.4
85480	TSLP	-0.58	0.2
3164	NR4A1	-0.58	0.3
10612	TRIM3	-0.57	0.3
5925	RB1	-0.57	0.8
6392	SDHD	-0.57	0.4
3579	CXCR2	-0.56	0.4
6498	SKIL	-0.56	0.2
7545	ZIC1	-0.55	0.4
6688	SPI1	-0.55	0.8
25930	PTPN23	-0.55	0.6
5915	RARB	-0.54	0.2

2878	GPX3	-0.54	0.1
54778	RNF111	-0.54	0.6
10370	CITED2	-0.53	0.2
11184	MAP4K1	-0.53	1.1
171024	SYNPO2	-0.52	0.4
9455	HOMER2	-0.52	0.2
51247	PAIP2	-0.52	0.2
2934	GSN	-0.52	0.3
2719	GPC3	-0.52	0.5
64326	RFWD2	-0.52	0.4
6282	S100A11	-0.51	0.3
79648	MCPH1	-0.51	0.4
960	CD44	-0.51	0.3
5927	KDM5A	-0.50	0.2
8434	RECK	-0.50	0.5
6422	SFRP1	-0.47	0.1
3479	IGF1	-0.47	0.5
55591	VEZT	-0.47	0.3
7965	AIMP2	-0.47	0.3
1832	DSP	-0.47	0.4
94241	TP53INP1	-0.47	0.5
6477	SIAH1	-0.47	0.6
6910	TBX5	-0.47	0.3
5079	PAX5	-0.46	0.1
2070	EYA4	-0.46	0.7
8994	LIMD1	-0.46	0.2
4089	SMAD4	-0.45	0.1
2587	GALR1	-0.45	0.4
3096	HIVEP1	-0.44	0.4
10320	IKZF1	-0.44	0.2
58508	KMT2C	-0.44	0.3
4826	NNAT	-0.44	0.1
3728	JUP	-0.43	0.3
2697	GJA1	-0.43	0.3
56616	DIABLO	-0.43	0.1
9447	AIM2	-0.43	0.3
3329	HSPD1	-0.42	0.4
9821	RB1CC1	-0.42	0.6
310	ANXA7	-0.42	0.2
51696	HECA	-0.41	0.2
247	ALOX15B	-0.41	0.4
9411	ARHGAP29	-0.41	0.4
3678	ITGA5	-0.40	0.2
1647	GADD45A	-0.39	0.2
2131	EXT1	-0.39	0.6
2633	GBP1	-0.39	0.5
1387	CREBBP	-0.38	0.2

4477	MSMB	-0.38	0.6
5465	PPARA	-0.38	0.2
10180	RBM6	-0.38	0.3
5320	PLA2G2A	-0.38	0.3
8567	MADD	-0.38	0.2
55735	DNAJC11	-0.37	0.3
3688	ITGB1	-0.37	0.1
4920	ROR2	-0.37	0.3
51201	ZDHHC2	-0.36	0.3
3977	LIFR	-0.36	0.3
4978	OPCML	-0.35	0.5
3394	IRF8	-0.35	0.1
1012	CDH13	-0.35	0.3
6596	HLTF	-0.35	0.6
22943	DKK1	-0.34	0.1
23327	NEDD4L	-0.34	0.3
1739	DLG1	-0.33	0.5
1630	DCC	-0.33	0.1
23411	SIRT1	-0.33	0.2
285671	RNF180	-0.33	0.2
116173	CMTM5	-0.32	0.2
53353	LRP1B	-0.32	0.7
6772	STAT1	-0.32	0.5
1852	DUSP9	-0.32	0.2
317	APAF1	-0.32	0.2
1620	BRINP1	-0.31	0.5
84417	C2orf40	-0.31	0.6
5071	PARK2	-0.31	0.8
23513	SCRIB	-0.31	0.4
5581	PRKCE	-0.30	0.3
4216	MAP3K4	-0.30	0.4
50943	FOXP3	-0.30	0.4
2950	GSTP1	-0.30	0.4
3486	IGFBP3	-0.29	0.6
3172	HNF4A	-0.29	0.9
23193	GANAB	-0.29	0.4
8065	CUL5	-0.29	0.4
5770	PTPN1	-0.28	0.3
9636	ISG15	-0.28	0.6
79026	AHNAK	-0.28	0.5
254394	MCM9	-0.28	0.4
10771	ZMYND11	-0.27	0.3
2170	FABP3	-0.27	0.3
6387	CXCL12	-0.27	0.4
2395	FXN	-0.27	0.3
4734	NEDD4	-0.26	0.8
8065	CUL5	-0.26	0.3

4015	LOX	-0.26	0.6
7068	THRB	-0.26	0.3
27132	CPNE7	-0.25	0.1
7159	TP53BP2	-0.25	0.5
6091	ROBO1	-0.25	0.6
9148	NEURL1	-0.25	0.5
2042	EPHA3	-0.24	0.5
22925	PLA2R1	-0.24	0.1
4763	NF1	-0.23	0.2
2521	FUS	-0.23	0.9
2146	EZH2	-0.22	0.5
64651	CSRNP1	-0.22	0.5
11178	LZTS1	-0.21	0.5
4616	GADD45B	-0.21	0.6
9049	AIP	-0.21	0.2
10628	TXNIP	-0.21	0.1
5563	PRKAA2	-0.21	0.3
57491	AHRR	-0.21	0.4
8795	TNFRSF10B	-0.20	0.1
23409	SIRT4	-0.20	0.4
1755	DMBT1	-0.20	0.2
3169	FOXA1	-0.19	0.3
8099	CDK2AP1	-0.19	0.2
51684	SUFU	-0.19	0.4
5216	PFN1	-0.19	0.2
8431	NROB2	-0.19	0.2
5601	MAPK9	-0.18	0.2
23095	KIF1B	-0.18	0.3
255877	BCL6B	-0.17	0.2
10010	TANK	-0.17	0.3
2012	EMP1	-0.17	0.4
650	BMP2	-0.17	0.2
22954	TRIM32	-0.16	0.7
23300	ATMIN	-0.15	0.3
414899	BLID	-0.15	0.3
5527	PPP2R5C	-0.15	0.2
55799	CACNA2D3	-0.15	0.1
56475	RPRM	-0.15	0.9
5414	SEPTIN4	-0.15	0.6
472	ATM	-0.15	0.3
5602	MAPK10	-0.14	0.4
51129	ANGPTL4	-0.14	0.1
3488	IGFBP5	-0.14	0.0
10078	TSSC4	-0.14	0.5
10472	ZBTB18	-0.13	0.2
1191	CLU	-0.13	0.5
1601	DAB2	-0.13	0.1

54766	BTG4	-0.13	0.5
55717	WDR11	-0.13	0.5
5933	RBL1	-0.13	0.2
3627	CXCL10	-0.13	0.8
8665	EIF3F	-0.13	0.5
1676	DFFA	-0.13	0.2
56849	TCEAL7	-0.13	0.0
26512	INTS6	-0.13	0.5
2134	EXTL1	-0.12	0.3
9901	SRGAP3	-0.12	0.2
11010	GLIPR1	-0.12	0.2
89884	LHX4	-0.12	0.2
4335	MNT	-0.12	0.3
9077	DIRAS3	-0.12	0.4
11108	PRDM4	-0.11	0.5
7447	VSNL1	-0.11	0.3
91133	L3MBTL4	-0.11	0.5
115761	ARL11	-0.10	1.3
10768	AHCYL1	-0.10	0.5
134111	UBE2QL1	-0.09	0.3
1002	CDH4	-0.09	0.5
5522	PPP2R2C	-0.08	0.4
51177	PLEKHO1	-0.08	0.1
338442	HCAR2	-0.08	0.6
79961	DENND2D	-0.08	0.2
10273	STUB1	-0.08	0.3
23612	PHLDA3	-0.07	0.4
8406	SRPX	-0.07	0.3
2706	GJB2	-0.07	0.5
3611	ILK	-0.07	0.3
22806	IKZF3	-0.07	0.6
115426	UHRF2	-0.06	0.2
117153	MIA2	-0.06	0.1
26959	HBP1	-0.06	0.6
92344	GORAB	-0.06	0.2
139285	AMER1	-0.06	0.5
2035	EPB41	-0.05	0.4
23604	DAPK2	-0.05	0.1
5196	PF4	-0.05	0.2
4849	CNOT3	-0.05	0.4
1602	DACH1	-0.04	0.1
2041	EPHA1	-0.04	0.8
9314	KLF4	-0.04	0.2
257218	SHPRH	-0.03	1.3
4921	DDR2	-0.03	0.2
2322	FLT3	-0.03	0.3
4507	MTAP	-0.01	0.2

284406	ZFP82	-0.01	1.0
57805	CCAR2	-0.01	0.5
9521	EEF1E1	-0.01	0.2
63035	BCORL1	-0.01	0.7
26136	TES	-0.01	0.6
283349	RASSF3	0.00	0.3
3175	ONECUT1	0.00	0.0
4499	MT1M	0.01	0.3
1316	KLF6	0.01	0.6
6924	TCEB3	0.01	0.3
104	ADARB1	0.01	0.2
51700	CYB5R2	0.02	0.3
1786	DNMT1	0.02	0.3
6294	SAFB	0.02	0.3
1915	EEF1A1	0.03	0.2
222236	NAPEPLD	0.03	0.2
3880	KRT19	0.03	0.7
8838	WISP3	0.04	0.3
7429	VIL1	0.04	0.2
11145	PLA2G16	0.05	0.1
4221	MEN1	0.05	0.8
84651	SPINK7	0.05	0.3
22882	ZHX2	0.05	0.4
29997	GLTSCR2	0.05	0.9
171023	ASXL1	0.06	0.4
55818	KDM3A	0.07	0.3
4773	NFATC2	0.07	0.3
7490	WT1	0.07	0.3
1528	CYB5A	0.07	0.3
4013	VWA5A	0.07	0.3
55223	TRIM62	0.08	0.2
5331	PLCB3	0.08	0.1
56287	GKN1	0.08	0.3
55544	RBM38	0.08	0.5
114757	CYGB	0.09	0.4
6929	TCF3	0.09	0.5
8577	TMEFF1	0.09	0.5
5101	PCDH9	0.09	0.1
7799	PRDM2	0.09	0.5
25855	BRMS1	0.09	0.7
7056	THBD	0.10	0.3
11080	DNAJB4	0.10	0.5
4033	LRMP	0.10	0.6
11068	CYB561D2	0.10	0.1
6117	RPA1	0.10	0.4
2271	FH	0.11	0.1
2048	EPHB2	0.11	0.3

6664	SOX11	0.11	0.2
51364	ZMYND10	0.12	0.2
5906	RAP1A	0.12	0.4
2103	ESRRB	0.12	0.4
4045	LSAMP	0.12	0.4
1612	DAPK1	0.13	0.3
6595	SMARCA2	0.13	0.1
383	ARG1	0.13	0.1
201501	ZBTB7C	0.13	0.5
283518	KCNRG	0.13	1.0
259230	SGMS1	0.13	0.6
8626	TP63	0.13	0.1
7405	UVRAG	0.14	0.7
1017	CDK2	0.14	0.9
5625	PRODH	0.14	0.3
23328	SASH1	0.14	0.5
8453	CUL2	0.14	0.7
130399	ACVR1C	0.14	0.5
3428	IFI16	0.15	0.9
6925	TCF4	0.15	0.6
378708	APITD1	0.15	0.5
4771	NF2	0.16	0.3
580	BARD1	0.16	0.2
5074	PAWR	0.16	0.8
9429	ABCG2	0.17	0.3
64478	CSMD1	0.17	0.2
5573	PRKAR1A	0.17	0.5
26257	NKX2-8	0.17	0.1
6416	MAP2K4	0.18	0.4
9788	MTSS1	0.18	0.4
219333	USP12	0.18	0.7
3662	IRF4	0.18	0.5
5936	RBM4	0.18	0.3
8650	NUMB	0.19	0.4
84700	MYO18B	0.19	0.4
25792	CIZ1	0.19	0.3
9255	AIMP1	0.19	0.1
6678	SPARC	0.19	0.2
6711	SPTBN1	0.19	1.2
10562	OLFM4	0.20	0.1
9988	DMTF1	0.20	0.4
2309	FOXO3	0.20	0.2
10769	PLK2	0.20	0.6
27232	GNMT	0.20	0.5
7158	TP53BP1	0.21	0.2
8805	TRIM24	0.21	0.8
27250	PDCD4	0.21	0.4

4897	NRCAM	0.21	1.2
1027	CDKN1B	0.22	0.4
401	PHOX2A	0.22	0.9
11122	PTPRT	0.22	0.2
2135	EXTL2	0.22	0.3
249	ALPL	0.22	0.7
6405	SEMA3F	0.22	0.1
5276	SERPINI2	0.23	0.1
5727	PTCH1	0.23	0.3
5580	PRKCD	0.23	0.3
6876	TAGLN	0.24	0.6
581	BAX	0.24	0.2
3685	ITGAV	0.24	0.5
27302	BMP10	0.24	0.2
90480	GADD45GIP1	0.25	0.3
5080	PAX6	0.25	0.2
56925	LXN	0.25	0.1
10154	PLXNC1	0.26	0.3
864	RUNX3	0.26	0.9
80319	CXXC4	0.26	0.2
5310	PKD1	0.27	0.4
10817	FRS3	0.27	0.6
7071	KLF10	0.27	0.3
11334	TUSC2	0.27	0.3
6850	SYK	0.27	0.4
8856	NR1I2	0.28	0.5
84911	ZNF382	0.28	0.4
10152	ABI2	0.28	0.1
835	CASP2	0.29	0.2
141	ADPRH	0.29	0.4
1843	DUSP1	0.29	0.2
199731	CADM4	0.29	0.3
54739	XAF1	0.30	0.6
10018	BCL2L11	0.30	0.4
9547	CXCL14	0.30	0.5
1958	EGR1	0.30	0.1
10950	BTG3	0.30	0.3
2903	GRIN2A	0.30	0.5
2013	EMP2	0.30	0.2
22933	SIRT2	0.30	0.4
1029	CDKN2A	0.31	0.3
6389	SDHA	0.31	0.2
8313	AXIN2	0.31	0.1
286826	LIN9	0.31	0.2
8454	CUL1	0.31	0.8
26047	CNTNAP2	0.31	0.3
7078	TIMP3	0.32	0.1

151742	PPM1L	0.32	0.6
675	BRCA2	0.32	0.5
1111	CHEK1	0.32	0.1
83595	SOX7	0.32	0.1
80012	PHC3	0.33	0.9
5533	PPP3CC	0.33	0.1
3732	CD82	0.33	0.3
55840	EAF2	0.33	0.1
5100	PCDH8	0.33	0.2
55275	VPS53	0.34	0.3
4928	NUP98	0.34	0.1
9353	SLIT2	0.34	0.1
3663	IRF5	0.34	0.7
54984	PINX1	0.34	0.5
545	ATR	0.34	0.4
7428	VHL	0.34	0.3
5037	PEBP1	0.34	0.4
51339	DACT1	0.35	1.1
60561	RINT1	0.35	0.2
652	BMP4	0.35	0.7
112858	TP53RK	0.35	0.4
9656	MDC1	0.35	0.2
1634	DCN	0.35	0.5
137970	UNC5D	0.35	0.1
4683	NBN	0.35	0.2
64866	CDCP1	0.36	0.3
5178	PEG3	0.37	0.4
1028	CDKN1C	0.37	0.4
2272	FHIT	0.37	0.5
1959	EGR2	0.37	0.3
114826	SMYD4	0.37	0.6
8848	TSC22D1	0.37	0.5
7431	VIM	0.37	0.4
23410	SIRT3	0.38	0.8
5629	PROX1	0.38	0.2
644943	RASSF10	0.39	0.5
220296	HEPACAM	0.39	0.3
5889	RAD51C	0.39	0.3
1946	EFNA5	0.39	0.2
11083	DIDO1	0.40	1.8
51147	ING4	0.40	0.4
90993	CREB3L1	0.40	0.4
112858	TP53RK	0.40	0.3
641	BLM	0.41	0.6
301	ANXA1	0.41	0.5
8312	AXIN1	0.41	0.2
89870	TRIM15	0.42	0.2

140628	GATA5	0.42	1.2
57107	PDSS2	0.42	0.0
55749	CCAR1	0.43	0.5
23221	RHOBTB2	0.43	0.3
123879	DCUN1D3	0.43	0.4
26608	TBL2	0.43	0.7
9318	COPS2	0.43	0.2
1847	DUSP5	0.43	0.2
80198	MUS81	0.43	0.4
6273	S100A2	0.43	0.5
4118	MAL	0.44	0.4
23189	KANK1	0.44	0.2
665	BNIP3L	0.44	0.2
146691	TOM1L2	0.45	0.9
8190	MIA	0.45	0.2
2100	ESR2	0.46	0.4
4830	NME1	0.46	0.1
10424	PGRMC2	0.46	0.5
613	BCR	0.47	0.3
54802	TRIT1	0.47	0.3
26471	NUPR1	0.47	0.4
2984	GUCY2C	0.47	0.2
5078	PAX4	0.47	0.5
23705	CADM1	0.48	0.5
2779	GNAT1	0.48	0.2
123920	CMTM3	0.48	0.5
22807	IKZF2	0.48	0.4
7067	THRA	0.49	0.1
8772	FADD	0.50	0.5
51343	FZR1	0.50	0.2
7128	TNFAIP3	0.50	0.0
5782	PTPN12	0.50	0.3
112464	PRKCDBP	0.50	0.4
8635	RNASET2	0.50	0.3
90427	BMF	0.50	0.5
4436	MSH2	0.50	0.6
54845	ESRP1	0.51	0.1
11200	CHEK2	0.51	0.6
3065	HDAC1	0.51	0.4
23541	SEC14L2	0.51	0.5
9046	DOK2	0.51	0.4
406	ARNTL	0.51	0.4
253738	EBF3	0.52	0.2
1803	DPP4	0.52	0.4
3487	IGFBP4	0.52	0.6
55615	PRR5	0.52	0.7
3170	FOXA2	0.52	0.3

5325	PLAGL1	0.53	0.5
8405	SPOP	0.53	0.4
11337	GABARAP	0.53	0.5
5931	RBBP7	0.54	0.3
91768	CABLES1	0.54	0.2
65268	WNK2	0.54	0.1
8930	MBD4	0.54	0.2
7791	ZYX	0.55	0.4
999	CDH1	0.55	0.7
95	ACY1	0.55	0.3
26298	EHF	0.56	0.4
9076	CLDN1	0.56	0.8
7020	TFAP2A	0.57	0.1
26018	LRIG1	0.57	0.2
5777	PTPN6	0.57	0.2
2049	EPHB3	0.57	0.5
11197	WIF1	0.57	0.2
286319	TUSC1	0.57	0.2
5655	KLK10	0.58	0.20
55233	MOB1A	0.58	0.5
1523	CUX1	0.58	0.2
160728	SLC5A8	0.58	0.2
9462	RASAL2	0.59	0.6
4057	LTF	0.59	0.4
54979	HRASLS2	0.59	0.7
79930	DOK3	0.60	0.3
112399	EGLN3	0.60	0.3
23586	DDX58	0.60	0.3
867	CBL	0.60	0.5
847	CAT	0.60	1.4
65979	PHACTR4	0.60	0.1
8554	PIAS1	0.60	0.4
324	APC	0.60	0.6
3622	ING2	0.60	0.2
57863	CADM3	0.61	0.2
5337	PLD1	0.61	0.2
50486	GOS2	0.61	0.1
57509	MTUS1	0.61	0.4
84260	TCHP	0.61	0.3
27303	RBMS3	0.61	0.2
5781	PTPN11	0.62	0.2
10399	GNB2L1	0.62	0.4
1003	CDH5	0.63	0.1
9937	DCLRE1A	0.64	0.3
10077	TSPAN32	0.64	0.4
83719	YPEL3	0.64	0.1
149628	PYHIN1	0.64	0.0

1490	CTGF	0.64	0.4
25898	RCHY1	0.64	0.6
3400	ID4	0.64	0.2
892	CCNC	0.65	0.6
27075	TSPAN13	0.65	0.2
1869	E2F1	0.66	0.5
857	CAV1	0.66	0.3
7045	TGFBI	0.67	0.2
889	KRIT1	0.67	0.2
27429	HTRA2	0.67	0.1
30845	EHD3	0.68	0.5
9590	AKAP12	0.68	0.2
57599	WDR48	0.68	0.9
3482	IGF2R	0.68	0.5
231	AKR1B1	0.68	0.3
5347	PLK1	0.68	0.4
2051	EPHB6	0.68	0.5
2273	FHL1	0.69	0.1
1825	DSC3	0.69	0.2
116135	LRRC3B	0.69	0.3
29998	GLTSCR1	0.69	0.7
57659	ZBTB4	0.70	0.1
7128	TNFAIP3	0.70	0.6
8100	IFT88	0.70	0.4
11228	RASSF8	0.71	0.7
26038	CHD5	0.71	0.1
167465	ZNF366	0.71	0.4
64753	CCDC136	0.71	0.9
3091	HIF1A	0.71	0.1
23261	CAMTA1	0.72	0.4
8744	TNFSF9	0.72	0.2
4149	MAX	0.73	0.3
23336	SYNM	0.73	1.1
57447	NDRG2	0.73	0.5
6794	STK11	0.74	0.4
10432	RBM14	0.75	0.7
79831	KDM8	0.76	0.1
51780	KDM3B	0.76	0.2
638	BIK	0.76	0.2
10409	BASP1	0.77	0.3
25833	POU2F3	0.77	0.3
8711	TNK1	0.77	1.0
373863	DND1	0.78	0.2
4804	NGFR	0.78	0.2
83989	FAM172A	0.78	0.8
7462	LAT2	0.79	0.4
1045	CDX2	0.79	0.6

51237	MZB1	0.79	0.1
10397	NDRG1	0.79	0.2
9486	CHST10	0.79	0.1
3679	ITGA7	0.79	0.2
8788	DLK1	0.79	0.9
467	ATF3	0.80	0.6
57111	RAB25	0.80	0.2
57167	SALL4	0.80	0.4
84295	PHF6	0.81	0.7
7161	TP73	0.81	0.3
6934	TCF7L2	0.81	0.5
4851	NOTCH1	0.81	0.4
8643	PTCH2	0.82	0.6
4303	FOXO4	0.82	0.2
196	AHR	0.82	0.4
2972	BRF1	0.82	0.9
10633	RASL10A	0.82	0.2
3090	HIC1	0.82	0.0
401494	HACD4	0.83	0.5
2120	ETV6	0.83	0.3
54206	ERRFI1	0.83	0.3
1540	CYLD	0.84	0.2
7053	TGM3	0.84	0.3
11186	RASSF1	0.84	0.2
27022	FOXD3	0.85	0.1
253559	CADM2	0.85	0.4
79791	FBXO31	0.85	0.5
4824	NKX3-1	0.86	0.6
1474	CST6	0.86	0.6
121227	LRIG3	0.87	0.6
51196	PLCE1	0.88	0.1
5887	RAD23B	0.88	0.2
387	RHOA	0.88	1.0
92335	STRADA	0.89	0.5
159989	CCDC67	0.89	0.9
5562	PRKAA1	0.89	0.3
55966	AJAP1	0.90	0.5
27316	RBMX	0.90	0.2
8678	BECN1	0.90	0.4
152573	SHISA3	0.90	0.3
6125	RPL5	0.91	0.4
55124	PIWIL2	0.91	0.2
8797	TNFRSF10A	0.91	0.1
8437	RASAL1	0.91	0.1
672	BRCA1	0.91	0.4
5920	RARRES3	0.92	0.4
11281	POU6F2	0.92	0.3

274	BIN1	0.92	0.3
2316	FLNA	0.92	0.2
7044	LEFTY2	0.92	0.3
201163	FLCN	0.92	0.3
6997	TDGF1	0.93	0.4
1147	CHUK	0.93	0.5
116071	BATF2	0.93	0.5
137075	CLDN23	0.93	0.3
142	PARP1	0.94	0.3
4292	MLH1	0.95	0.2
861	RUNX1	0.95	0.1
429	ASCL1	0.97	0.1
23405	DICER1	0.97	0.1
5516	PPP2CB	0.97	0.6
8651	SOCS1	0.98	1.4
29959	NRBP1	0.98	0.8
6672	SP100	0.99	0.0
10514	MYBBP1A	1.00	0.2
4856	NOV	1.00	0.2
1105	CHD1	1.00	0.1
1473	CST5	1.00	0.3
5268	SERPINB5	1.00	0.4
7270	TTF1	1.00	0.1
10181	RBM5	1.01	0.2
29914	UBIAD1	1.02	0.6
822	CAPG	1.02	0.2
127700	OSCP1	1.02	0.3
1036	CDO1	1.02	0.3
27165	GLS2	1.03	0.0
90249	UNC5A	1.04	0.7
1021	CDK6	1.04	0.2
8013	NR4A3	1.04	0.3
9141	PDCD5	1.04	0.0
60401	EDA2R	1.04	0.4
27122	DKK3	1.05	0.2
2619	GAS1	1.05	0.4
10217	CTDSPL	1.05	0.3
54756	IL17RD	1.05	0.3
79192	IRX1	1.05	0.1
6135	RPL11	1.05	0.7
1870	E2F2	1.06	0.1
27129	HSPB7	1.06	0.3
5241	PGR	1.07	0.3
114907	FBXO32	1.08	0.1
27086	FOXP1	1.08	0.4
140690	CTCF	1.08	0.1
7474	WNT5A	1.09	0.2

9365	KL	1.09	0.1
1009	CDH11	1.10	0.2
94031	HTRA3	1.11	0.32
84525	HOPX	1.12	0.5
6776	STAT5A	1.12	0.5
6502	SKP2	1.12	0.5
9538	EI24	1.13	0.3
7704	ZBTB16	1.14	0.3
2296	FOXC1	1.14	0.4
920	CD4	1.15	0.2
4869	NPM1	1.15	0.1
5728	PTEN	1.16	0.3
50514	DELEC1	1.17	0.4
3014	H2AFX	1.17	0.1
29117	BRD7	1.20	0.4
5499	PPP1CA	1.21	0.7
49860	CRNN	1.21	0.3
80023	NRSN2	1.22	0.5
54971	BANP	1.22	0.5
2952	GSTT1	1.22	0.2
1326	MAP3K8	1.23	0.7
10912	GADD45G	1.24	0.4
10048	RANBP9	1.24	0.2
6774	STAT3	1.25	0.1
6134	RPL10	1.25	0.2
64682	ANAPC1	1.26	0.0
8864	PER2	1.26	0.1
144165	PRICKLE1	1.26	0.3
3659	IRF1	1.26	0.3
79365	BHLHE41	1.26	0.4
4163	MCC	1.28	0.5
83937	RASSF4	1.28	0.3
634	CEACAM1	1.28	0.8
246	ALOX15	1.29	0.3
5316	PKNOX1	1.29	0.7
1789	DNMT3B	1.30	0.1
5300	PIN1	1.30	0.2
23635	SSBP2	1.30	0.2
3490	IGFBP7	1.31	0.2
10335	MRVI1	1.32	0.1
3996	LLGL1	1.33	0.2
51330	TNFRSF12A	1.33	0.2
57727	NCOA5	1.33	0.6
6898	TAT	1.34	0.1
3651	PDX1	1.34	0.4
54583	EGLN1	1.35	0.3
79728	PALB2	1.37	0.2

5579	PRKCB	1.39	2.1
7476	WNT7A	1.39	0.1
9667	SAFB2	1.40	0.2
9025	RNF8	1.40	0.6
9516	LITAF	1.42	0.6
3483	IGFALS	1.42	0.1
10019	SH2B3	1.42	0.3
4485	MST1	1.43	0.4
51720	UIMC1	1.44	0.2
23560	GTPBP4	1.44	0.8
1801	DPH1	1.44	0.7
563	AZGP1	1.45	0.9
5932	RBBP8	1.45	0.1
10413	YAP1	1.46	0.2
7040	TGFB1	1.46	0.2
1871	E2F3	1.46	0.3
5653	KLK6	1.47	0.22
11074	TRIM31	1.47	1.8
4790	NFKB1	1.47	0.2
1052	CEBPD	1.48	0.4
9021	SOCS3	1.49	0.8
9781	RNF144A	1.51	0.6
5245	PHB	1.51	0.0
64101	LRRC4	1.53	0.2
57758	SCUBE2	1.56	0.4
3814	KISS1	1.57	0.2
5654	HTRA1	1.58	0.4
8854	ALDH1A2	1.60	0.5
374654	KIF7	1.61	0.3
1452	CSNK1A1	1.61	0.1
5494	PPM1A	1.62	0.5
7290	HIRA	1.62	0.4
79759	ZNF668	1.63	0.6
55294	FBXW7	1.64	0.3
23035	PHLPP2	1.65	0.1
4486	MST1R	1.67	1.1
860	RUNX2	1.67	0.3
3104	ZBTB48	1.69	0.6
2137	EXTL3	1.70	0.4
55450	CAMK2N1	1.70	0.6
6425	SFRP5	1.70	0.5
5411	PNN	1.73	0.2
6196	RPS6KA2	1.73	0.1
5796	PTPRK	1.76	0.3
7057	THBS1	1.80	0.8
79577	CDC73	1.80	0.2
26585	GREM1	1.80	0.2

1654	DDX3X	1.82	0.1
6423	SFRP2	1.85	0.2
4627	MYH9	1.85	0.4
10206	TRIM13	1.90	0.3
23087	TRIM35	1.91	0.2
164656	TMPRSS6	1.97	0.3
27030	MLH3	2.00	0.2
6764	ST5	2.03	0.20
4082	MARCKS	2.14	0.4
2735	GLI1	2.22	0.9
10664	CTCF	2.27	0.0
54790	TET2	2.38	0.4
148252	DIRAS1	2.38	0.3
6665	SOX15	2.41	0.2
6598	SMARCB1	2.49	0.3
56666	PANX2	2.50	0.2
6599	SMARCC1	2.80	0.7
23468	CBX5	2.92	0.7
1910	EDNRB	4.27	0.5

Supplementary Table. 2 Genes scored in phosphoproteomics, related to Figure 6 and Figure 7

Raw data of phosphoproteomics are available with the following orders;

DATA SET NO.	NOTE
1	phosphosites downregulated in shDAPK3#1 cells (420 genes)(P<0.05, log2FC<-0.4)
2	phosphosites downregulated in shTBK1#1 cells (887 genes)(P<0.05, log2FC<-0.4)
3	phosphosites downregulated in both shDAPK3#1 and shTBK1#1 cells (301 genes)(P<0.05, log2FC<-0.4)
4	phosphosites downregulated in shDAPK3#1 cells and shTBK1#1 cells at different phosphosite(s) in the same protein(29 genes) (P<0.05, log2FC<-0.4)
	blue; P<0.05, log2FC<-0.4 for shDAPK3#1 yellow; P<0.05, log2FC<-0.4 for shTBK1#1
5	phosphosites downregulated at DAPK3 consensus site (R/K-X-X-S/T) in shDAPK3#1 cells(165 genes) (P<0.05, log2FC<-0.4)
	16 proteins in red character have phosphosites corresponds to both DAPK3 consensus and IKK consensus (S-X-X-X-S/T)
6	E3 ligases which phosphorylation were downregulated at DAPK3 consensus site (R/K-X-X-S/T) in shDAPK3#1 cells and/or shTBK1#1 cells *; P<0.05, log2FC<-0.4 for shDAPK3#1, \$; P<0.1, log2FC<-0.4 for shDAPK3#1, #; P<0.05, log2FC<-0.4 for shTBK1#1

1. Phosphotases downregulated in shDAPK3#1 cells (420 genes) (P<0.05, log2FC<-0.4)

Unique_ID_REAL	Protein_ID	Gene	Gene_ID	Description	Prot_Loc	PTM_Score	Flank_Seq	shControl	shControl	shDAPK3#	shDAPK3#	shDAPK3#	shDAPK3#	shControl	FC	F-test	P-value	LogOR	LogFC							
AA088WTT2_1s5TDDGYDLOK_S2_S3_T4_1	AA088WTT2	TMEM230	29058	Transmembrane protein 230	S23.524.125	32.81;32.81;32.81	KVYSRLSSSTDDGYD...KVYSRLSSSTDDGYD...KVYSRLSSSTDDGYD...	0.178482	0.244887	0.179319	0.110008	0.098079	0.142562	0.100760	0.581292	0.020896	0.581292	0.534659	-0.78109							
AA088WXR8_rRfQDTGQK_S3_1	AA088WXR8	ZCCHC17	51538	zinc finger CCHC-type containing 17	S136		89.21	RRRRRRSFFDYGTQ							0.363187	0.298686	0.320236	0.176035	0.243942	0.172443	0.197473	0.326763	0.604332	0.821674	0.012981	-0.72659
AA088X1R1_1s5FGVFNANSK_S3_1	AA088X1R1	SMTN	6525	Smoothelin	S875		94.39	PRAAVRRSTFGFVNP							0.397225	0.278898	0.327075	0.161737	0.252951	0.188415	0.20095	0.334399	0.600527	0.767194	0.038035	-0.73474
AA088X1R1_1s5FGVFNANSK_S3_1	AA088X1R1	SMTN	6525	Smoothelin	S877		92.14	TSYRSKSLSSVQVFN							0.261246	0.255648	0.336669	0.140623	0.216575	0.154623	0.247649	0.664741	0.319129	0.042928	-0.58914	
AA088X2D8_KRSTLSQLQGD_S3_1	AA088X2D8	SPAG9	9043	sperm associated antigen 9	S584		94.23	AAVYVQSTADIFDQ							0.205292	0.198959	0.178189	0.121135	0.143717	0.122428	0.129093	0.194146	0.664928	0.888918	0.004069	-0.58873
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S478		94.98	SKTRVQSTADIFDQ							0.198002	0.229524	0.216204	0.129463	0.136937	0.138133	0.134844	0.214498	0.628649	0.21544	0.000648	-0.66567
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S478		91.44	SKTRVQSTADIFDQ							0.226889	0.192276	0.200855	0.095639	0.112244	0.104536	0.10414	0.206667	0.503903	0.350889	0.000862	-0.98878
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S478.7479	50.50		SKTRVQSTADIFDQ.KTRVQSTADIFDQ							0.238333	0.187364	0.229894	0.11232	0.11143	0.081297	0.101682	0.21853	0.465301	0.589439	0.003398	-1.10376
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.219783	0.218866	0.203679	0.109032	0.113006	0.107402	0.109003	0.214109	0.5091	0.546264	0.01E-05	-0.97398
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.289189	0.288845	0.253498	0.150135	0.164336	0.187157	0.16721	0.25015	0.618126	0.957715	0.002294	-0.69403
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.265911	0.268107	0.303135	0.144708	0.162085	0.219076	0.17529	0.279051	0.628164	0.447508	0.01522	-0.67079
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.266714	0.295254	0.30297	0.239191	0.155389	0.212484	0.202348	0.288833	0.701835	0.331847	0.03675	-0.5108
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.227267	0.184602	0.197609	0.149224	0.159351	0.134062	0.146345	0.20226	0.273553	0.765073	0.01502	-0.46683
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.219165	0.180648	0.235574	0.150811	0.169757	0.1403	0.153623	0.208462	0.756933	0.54799	0.019092	-0.4004
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.196017	0.197445	0.162172	0.146304	0.11476	0.135996	0.132354	0.185211	0.714608	0.787164	0.023356	-0.48478
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.223186	0.215024	0.219122	0.146726	0.131888	0.140124	0.139579	0.231141	0.603872	0.310137	0.01009	-0.72769
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.197406	0.207126	0.220715	0.143546	0.146863	0.152173	0.147528	0.204427	0.707814	0.242831	0.001076	-0.49856
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.234911	0.222615	0.174126	0.145943	0.08133	0.104205	0.110382	0.20554	0.524485	0.980295	0.019478	-0.93103
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.283318	0.231699	0.266543	0.161384	0.146617	0.150938	0.152979	0.26052	0.587207	0.153507	0.002447	-0.78006
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.228693	0.215398	0.203023	0.107085	0.156602	0.133511	0.123399	0.21675	0.613799	0.423266	0.006649	-0.70416
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.168365	0.174082	0.213441	0.119053	0.131967	0.147384	0.132801	0.185296	0.166988	0.500803	0.032661	-0.49936
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.190221	0.221815	0.183485	0.130653	0.172232	0.133871	0.130586	0.19729	0.661895	0.063135	0.003477	-0.58053
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.103660	0.110077	0.190721	0.100443	0.061101	0.092479	0.084674	0.332564	0.332564	0.009127	-1.57663	
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.255092	0.211192	0.264223	0.174002	0.15559	0.177616	0.169069	0.266866	0.639609	0.886064	0.000674	-0.65833
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.288913	0.221922	0.228656	0.151452	0.152211	0.159534	0.159349	0.225656	0.579694	0.900094	0.00119	-0.57225
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.178038	0.173784	0.156676	0.148958	0.095771	0.108886	0.118772	0.164939	0.695411	0.285496	0.004417	-0.52406
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.180777	0.183357	0.153763	0.144933	0.095594	0.109166	0.116564	0.172632	0.675217	0.585187	0.032758	-0.56568
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.150521	0.18226	0.15552	0.129521	0.086972	0.130229	0.116174	0.164267	0.707226	0.549486	0.04873	-0.49976
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.192458	0.214613	0.166598	0.104156	0.113495	0.12441	0.11402	0.191223	0.596268	0.302113	0.00683	-0.74597
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.19123	0.217547	0.201445	0.141128	0.164069	0.173002	0.1474	0.203407	0.724653	0.905825	0.007927	-0.46464
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.199978	0.244117	0.191094	0.105161	0.145804	0.157277	0.136081	0.211729	0.64271	0.963882	0.029343	-0.6776
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.196688	0.229597	0.271029	0.142835	0.148003	0.153594	0.14761	0.161005	0.665367	0.129442	0.007731	-0.54927
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.172451	0.271285	0.176101	0.160336	0.084141	0.131988	0.12122	0.406852	0.53721	0.63484	0.037812	-0.98983
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.23593	0.192058	0.214406	0.126403	0.188061	0.115381	0.103942	0.142008	0.206659	0.647207	0.007217	-0.91159
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.217785	0.236132	0.229297	0.137891	0.140589	0.108832	0.129104	0.227738	0.565897	0.343251	0.01011	-0.81884
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.264813	0.275532	0.195121	0.174234	0.083459	0.127554	0.128415	0.245155	0.523812	0.961108	0.032577	-0.93288
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.290178	0.261813	0.219773	0.169352	0.131095	0.145052	0.1485	0.257255	0.577248	0.460003	0.009545	-0.79274
AA08896LCS_IVQSDAIDGDEEGLFK_S4_1	AA08896LCS	WASH2C2	253725	WASH complex subunit 2C	S836		95.49	DDPDAVQSTVFQDE							0.319514	0.243555	0.282213	0.145227	0.161786	0.						

J8KQR7_01PHSQDTHLHK_S1_1	J8KQR7	CEP170B	283638	centrosomal protein 170B	5908	100	AARMDFHQDTHLIL	0.196247	0.21124	0.195609	0.158695	0.131919	0.139071	0.143228	0.201032	0.172465	0.576887	0.003681	-0.48911
J8KQR7_01SNLSTPRTR_S1_53_1	J8KQR7	CEP170B	283638	centrosomal protein 170B	5113.51115	49.74,49.74	PKQALTRNSLSLTPF_QALTRNSLSLTPRT	0.229577	0.197091	0.224622	0.152669	0.10846	0.117421	0.126183	0.170096	0.581231	0.178616	0.005718	-0.78282
J8KQR7_01KQFHSPSGDPK_S1_1	J8KQR7	CEP170B	283638	centrosomal protein 170B	5422	92.98	GRKALQKSTHSPSG	0.204402	0.244581	0.245879	0.17323	0.123501	0.131456	0.142729	0.214977	0.663929	0.962872	0.027956	-0.5009
J8KQV8_01SRSHLSPSEASSQPVK_S1_53_1	J8KQV8	SYNJ1	8867	synaptotajin 1	5139.51331	47.67,47.67	PQPPFRSSRHSLPE_QPPFRSSRHSLPE	0.236841	0.197928	0.2488	0.158689	0.16217	0.148858	0.156572	0.225857	0.693238	0.133646	0.010878	-0.52858
J8KQV8_01SRSHLSPSEASSQPVK_S1_54_1	J8KQV8	SYNJ1	8867	synaptotajin 1	5133.51332	45.8,45.8	QPPFRSSRHSLPE_QPPFRSSRHSLPE	0.236841	0.286508	0.212514	0.165191	0.185989	0.13127	0.160817	0.245127	0.566505	0.704118	0.034948	-0.60811
J8KQV8_01SNLSTPRTR_S1_53_1	J8KQV8	SYNJ1	8867	synaptotajin 1	5125	100	RQJQRRSGVALLML	0.272025	0.20088	0.221338	0.142291	0.08802	0.116301	0.115537	0.231418	0.49926	0.709121	0.016564	-0.00214
J8K7A1_01XNFAVPVPPSSVGGGR_S19_123_1	J8K7A1	F8KL20	84961	F-box and leucine-rich repeat protein 20, isoform CRA_A	7419.5423	100-100	HAKLFLVPPVPPSSVGGGR	0.155182	0.201394	0.171905	0.134002	0.136154	0.107176	0.125778	0.17616	0.713994	0.645099	0.037303	-0.48602
J8K760_01RRPPLQIVTDLSD_S15_1	J8K760	MNNL1	752	formin like 1	5681	100	LQVTSDEL	0.191649	0.266989	0.184788	0.148425	0.131866	0.135274	0.138521	0.12712	0.666892	0.1245	0.027901	-0.58447
MOQ213_kvqPnTR_S3_1	MOQ213	FCOH1	23149	FCH and mu domain containing endocytic adaptor 1	5577	99.97	RLRSKRSVCFLTRSN	0.150103	0.189877	0.172564	0.111072	0.10672	0.115166	0.095988	0.178084	0.561829	0.620264	0.02234	-0.8318
MOR0H3_q5HFSGSLGSR_S3_1	MOR0H3	ZFP36	7538	ZFP36 ring finger protein	5201.5203	49.98,49.98	HPVVLRSYFSGELG_PVLRSYFSGELG	0.283859	0.339879	0.236141	0.142407	0.088420	0.129662	0.120157	0.285866	0.420326	0.472462	0.007807	-1.25042
OO0443_v5NLQVqP_S3_1	OO0443	PIK3C2A	5286	phosphatidylinositol-4-ophosphate 3-kinase catalytic subun	5259	100	KVSNLQVSPSPDEIS	0.180942	0.20416	0.195885	0.140622	0.06704	0.131507	0.113056	0.193896	0.583079	0.160313	0.028624	-0.77824
OO0446_n5TEDIM5SL5GDIYNLQTR_S10_711_1	OO0446	RAB29	8934	RAB29, member of Ras superfamily	5185.7186	50,50	TDRNLSLTQGGYINL	0.206215	0.179932	0.189407	0.14801	0.147183	0.139114	0.149919	0.191851	0.755685	0.254286	0.004486	-0.40414
OL4974_01LSTSDIEEK_S4_75_1	OL4974	PPP1R12A	4659	protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	5507.57508	48.66,48.66	TIPRRLASTSDIEEK	0.233729	0.221557	0.168233	0.104398	0.079959	0.103668	0.104887	0.20784	0.504652	0.699199	0.014515	-0.98664
OL4974_01LSTSDIEEK_S4_76_1	OL4974	PPP1R12A	4659	protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	5507	83.04	TIPRRLASTSDIEEK	0.285813	0.179886	0.237091	0.13111	0.103631	0.10363	0.11269	0.234263	0.481041	0.16602	0.019053	-1.05577
OL4974_01LSTSDIEEK_S4_77_1	OL4974	PPP1R12A	4659	protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	5509	99.49	TIPRRLASTSDIEEK	0.187175	0.218121	0.136112	0.110766	0.05016	0.092755	0.084561	0.180469	0.468559	0.731056	0.032694	-1.0937
OL4980_01RNVPGPNNPHEFEEMK_S3_1	OL4980	XPO1	7514	exportin 1	51055	100	ERKHKQKRVVPGFNP	0.173811	0.172713	0.150085	0.141693	0.108656	0.101119	0.117159	0.165536	0.707756	0.556139	0.029554	-0.49868
OL5014_01PnTDLV_S3_1	OL5014	ZNF609	23060	zinc finger protein 609	51055	92.67	FLTKAPSLDVLKWS	0.246523	0.246578	0.230924	0.153156	0.150056	0.194792	0.166002	0.240741	0.689543	0.207627	0.08011	-0.53629
OL5042_01NLFHEEEK_S1_1	OL5042	UZSURP	23350	U2 snRNP associated SURP domain containing	5202	100	GEKMKKKNLLEFKE	0.195988	0.212214	0.234551	0.122604	0.134704	0.105038	0.107882	0.214251	0.563744	0.744023	0.002695	-0.82689
OL5164_01SLEDVPSQKsPHVGEZR_S7_1	OL5164	TRIM24	8805	tripartite motif containing 24	5808	90.3	KEEKKQKSLMFLV	0.213771	0.207219	0.212103	0.154252	0.139848	0.176058	0.15672	0.20141	0.732263	0.252547	0.007037	-0.44957
OL43149_hQVPELELAWPHTPPHNNK_S21_1	OL43149	ZZF1	23140	zinc finger ZZ-type and EF-hand domain containing 1	51276	90.45	PTFHPRNKSEKVNIP	0.196374	0.218801	0.157146	0.148401	0.122461	0.11915	0.130004	0.190774	0.681457	0.417049	0.039917	-0.55331
OL43491_01qkTVLVAK_S3_1	OL43491	EPB41L2	2037	erythrocyte membrane protein band 4.1 like 2	587	88.4	PWLKQKQSYLVLVAK	0.236715	0.224661	0.220368	0.140475	0.120317	0.114976	0.125256	0.227448	0.551185	0.568518	0.000373	-0.85939
OL43491_01qkTVLVAK_S3_V4_1	OL43491	EPB41L2	2037	erythrocyte membrane protein band 4.1 like 2	587.788	49.9,49.9	PWLKQKQSYLVLVAK	0.246455	0.24349	0.228328	0.165793	0.119203	0.098391	0.127796	0.239425	0.533763	0.147068	0.005722	-0.90573
OL43491_01qkTVLVAK_S3_V4_T5_1	OL43491	EPB41L2	2037	erythrocyte membrane protein band 4.1 like 2	587.788.789	33.33,33.33,33.33	PWLKQKQSYLVLVAK	0.246455	0.24349	0.228328	0.165793	0.119203	0.098391	0.127796	0.239425	0.533763	0.147068	0.005722	-0.90573
OL43491_01qkTVLVAK_S3_V4_T5_T1_1	OL43491	EPB41L2	2037	erythrocyte membrane protein band 4.1 like 2	587	92.44	PWLKQKQSYLVLVAK	0.229463	0.256626	0.203375	0.136296	0.156808	0.147044	0.146716	0.230488	0.636544	0.276022	0.006281	-0.65167
OL43516_01LDDPMPPPPVPNPGR_S18_1	OL43516	WIPI1	7456	WAS/WASL interacting protein family member 1	5276	100	PPVQNRPIHREAVP	0.220387	0.255492	0.246427	0.155307	0.128606	0.184238	0.15605	0.207808	0.648134	0.600393	0.011585	-0.62564
OL43516_01LSSSTPSPR_S3_1	OL43516	WIPI1	7456	WAS/WASL interacting protein family member 1	5340	99.45	RLPQNLKQSLSTPTP	0.246575	0.240137	0.24572	0.153284	0.149983	0.167685	0.156984	0.262544	0.625774	0.701577	0.00053	-0.67214
OL43566_01LQVLEELQGLPVEGQGRPR_S1_1	OL43566	RGS14	10636	regulator of G-protein signaling 14	5218	100	ATLTKQKQSHMAHF	0.1838	0.219378	0.242482	0.143652	0.152747	0.159936	0.152111	0.21522	0.706773	0.141629	0.032495	-0.50068
OL43572_01QPHEEAHFGDGLR_S4_1	OL43572	AKAP10	11216	A-kinase anchoring protein 10	5296	100	ATLTKQKQSHMAHF	0.29484	0.265682	0.197986	0.166	0.178962	0.129344	0.108422	0.292504	0.690193	0.739237	0.04554	-0.53493
OL60293_01r2SDLSEK_S3_1	OL60293	ZFCH1	196441	zinc finger CCH1-type containing	5352	94.48	QNLTRIRTSDDISEL	0.198088	0.24033	0.229368	0.150309	0.122832	0.175498	0.149544	0.22596	0.671829	0.818312	0.020979	-0.57383
OL60307_01RWSVSSGSS-QSSSSOPEP_S3_1	OL60307	MST31	23001	microtubule associated serine/threonine kinase 3	5754	99.99	SADILRLSWSSGSS	0.225708	0.175645	0.184739	0.095267	0.147727	0.142478	0.128419	0.195364	0.657699	0.920108	0.042144	-6.045
OL60493_01RQDFEWLR_S4_1	OL60493	SNX3	8724	sorting nexin 3	572	99.75	STVYRYSDFEFLRS	0.230664	0.22501	0.201001	0.142477	0.145121	0.148739	0.145446	0.14891	0.664465	0.076622	0.001375	-0.58974
OL75044_01NGDGLPHVQVQDTEGTVRSPPK_S26_527_1	OL75044	SRGAP2	23380	SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2	5795.5796	50,50	EDGVVRSPPKSHQV	0.183115	0.227238	0.206446	0.147166	0.123834	0.152822	0.141274	0.209649	0.673859	0.592436	0.013754	-0.56948
OL75044_01FNHHRMPDVEPQIAQETMNSALNEER_S1_1	OL75044	SRGAP2	23380	SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2	5930	100	ATAGKSSPNNHRR	0.183115	0.236266	0.206155	0.130061	0.124038	0.141043	0.131714	0.208512	0.631684	0.189473	0.008982	-0.66272
OL75113_01nKAGVSPVELTR_T5_1	OL75113	N4BP1	9683	NEDD4 binding protein 1	7242	98.65	EARNKAGTVPVELTR	0.217445	0.196353	0.234766	0.146485	0.139933	0.157893	0.141033	0.216183	0.685205	0.368081	0.005208	-0.54539
OL75151_01eKAPITMDDLEAHTT_S4_1	OL75151	PHF2	5253	PHD finger protein 2	5539	91.68	KKRSEASPTIPNLD	0.210389	0.234781	0.237593	0.132059	0.123341	0.16097	0.13879	0.227588	0.696829	0.731705	0.003405	-0.71352
OL75152_01SASPHAGV-specific ribonuclease	OL75152	PHF2	5253	PHD finger protein 2	5809	99.99	RRKKRGGDDAFSTP	0.26226	0.284009	0.230322	0.152416	0.140448	0.134555	0.155806	0.258663	0.602352	0.586667	0.007782	-0.71332
OL75152_01SASPHAGV-specific ribonuclease	OL75152	ZCH31A	9877	zinc finger CCH2-type containing 11A	5290	99.72	RLKRFKSGAGSDP	0.239672	0.265291	0.251099	0.125795	0.184786	0.135773	0.147418	0.265354	0.658434	0.495486	0.038332	-0.60289
OL75152_01SASPHAGV-specific ribonuclease	OL75152	ZCH31A	9877	zinc finger CCH2-type containing 11A	5759	86.02	MKTRLSASTQKP	0.225745	0.274219	0.216033	0.158284	0.1476	0.172274	0.159386	0.266686	0.66782	0.727269	0.01492	-0.58247
OL75152_01SASPHAGV-specific ribonuclease	OL75152	ZCH31A	9877	zinc finger CCH2-type containing 11A	5758	84.48	SMKTRLSASTQKP	0.17462	0.246065	0.200887	0.12068	0.096145	0.158059	0.125028	0.207194	0.603436	0.853061	0.040644	-0.72873
OL75179_01pAPPSVPLGSEKPSNVQDR_S3_1	OL75179	ANKRD17	26057	ankyrin repeat domain 17	52401	97.71	SSGVPRAPSPAPSV	0.211497	0.225494	0.26106	0.140962	0.164772	0.179726	0.16182	0.236864	0.695448	0.738471	0.018858	-0.52398
OL75376_01HEAPSISGQPGCDQNASPSK_S6_1	OL75376	NCOR1	9611	nuclear receptor corepressor 1	5158	92.78	KHEAPSSISGQPGC	0.197553	0.256619	0.281106	0.139093	0.174566	0.180598	0.164752	0.245239	0.671802	0.432223	0.045655	-0.57389
OL75376_01PALLEFHGSDRRPQR_S3_1	OL75376	NCOR1	9611	nuclear receptor corepressor 1	570	100	QQLRLRPSLLSEFHP	0.239973	0.197551	0.230599	0.130875	0.194295	0.140361	0.157221	0.220641	0.703302	0.573821	0.048859	-0.50778
OL75376_01PALLEFHGSDRRPQR_S3_1	OL75376	NCOR1	9611	nuclear receptor corepressor 1	5997.5999	66.52,66.52	STSPCKTSSKNPREK	0.246249	0.27595	0.278388	0.132308	0.135088	0.150899	0.139425	0.266862	0.524549	0.490439	0.000423	-0.93661
OL75420_01SLVPSGSR_S3_1	OL75420	LRCH4	64599	LRCH4 interacting GVF protein 1															

P23284_IDSRDPLKDVIIADLGGK_S3_1	P23284	PPIB	5479	peptidylprolyl isomerase B	S189	89.25	VEBTRDSDRDKPLKD	0.140664	0.160231	0.19266	0.063756	0.103032	0.110587	0.092458	0.164518	0.561995	0.956473	0.026464	-0.83137	
P23470_rNRNSVVPSE_S4_1	P23470	PTPRG	5793	protein tyrosine phosphatase receptor type G	S1182	99.76	NKRNKRNSVVPSE	0.134854	0.15283	0.132743	0.105922	0.081949	0.120706	0.102859	0.140142	0.73396	0.483133	0.05226	-0.4623	
P25098_nkPRpRVVLELX_S5_1	P25098	GRK2	156	G protein-coupled receptor kinase 2	S670	100	KMKNRPSPVLELX	0.172106	0.157892	0.154329	0.111359	0.126421	0.125162	0.109811	0.16442	0.749375	0.882281	0.005089	-0.41624	
P26639_nkEGGDGGRAELNMPWEYVYTR_S5_1	P26639	TAR51	6987	atypical-rRNA synthetase 1	S39	100	KKNKHEGSDGGRAE	0.206347	0.189188	0.147448	0.133822	0.120355	0.116515	0.123564	0.180094	0.686105	0.115126	0.0415	-0.6635	
P29374_rTSLNMPVPLGSK_S1_S4_S5_1	P29374	ARID4A	589	thrombolytic domain 4A	S673,5676,5677	32.37,52,57,32,57	RGKFFPLSTSLVSNMP_PPLKSTLSTSNMPYLFL_PLKSTLSTSNMPYLFL	0.268452	0.211292	0.237407	0.149614	0.146672	0.154838	0.150375	0.23902	0.625129	0.048064	0.030881	-0.5487	
P29590_IARSPFQCRPPKST_S4_S12_2	P29590	PM	371	Protein PM	S504	56.83,76,93	KEARLARSPPQPPR_SFEQPPFSTSKAVSP	0.159826	0.117931	0.136282	0.089665	0.05927	0.077136	0.075407	0.138477	0.545446	0.709437	0.03189	-0.87588	
P30523_VYSHQGYTEAEFEPR_Y7_S8_1	P30523	LRPAP1	6443	LDL receptor related protein associated protein 1	S312	99.1	ASLKRSPSTAEFE	0.182193	0.200491	0.186719	0.119985	0.119845	0.14391	0.127913	0.189779	0.673946	0.641908	0.003105	-0.5692	
P30622_sPAKSLSSVSSVAVSRPSPR_S3_1	P30622	KLMP1	4209	CAP-Gly domain containing linker protein 1	S312	99.1	ASLKRSPSTAEFE	0.238908	0.200491	0.186719	0.119985	0.119845	0.14391	0.127913	0.189779	0.558944	0.462197	0.01619	-0.8399	
P31749_rHFPQFYSASGTA_S8_Y9_S10_1	P31749	AKT1	207	AKT serine/threonine kinase 1	S473,5474,5475	33.33,33,33,33,33	RHFQPFQYSASGTA_HFPQFQYSASGTA_HFPQFQYSASGTA	0.199261	0.176136	0.242681	0.149412	0.117822	0.153002	0.140079	0.206026	0.679909	0.494353	0.042664	-0.55659	
P33241_QASIELPMSNAVASTK_S8_1	P33241	LSP1	4046	lymphocyte specific protein 1	S257	89.99	QASIELPMSNAVASTK	0.20342	0.148476	0.184325	0.138327	0.09459	0.118367	0.116629	0.208074	0.578813	0.664859	0.005418	-0.78883	
P33241_rPSPVLEGTIEQSPSPSTL_S15_1	P33241	LSP1	4046	lymphocyte specific protein 1	S189	85.42	EGTIEQSPSPSTL	0.214841	0.184061	0.196309	0.14498	0.117927	0.127478	0.145621	0.198404	0.732152	0.482624	0.043335	-0.44979	
P34910_rTShLTPWPKPS_S3_S6_2	P34910	E12B	2124	ectopic viral integration site 2B	S268,S271	93.03,99.94	E12KTRTSIISLTPW_TKRTSIISLTPWPKPS	0.325091	0.304669	0.243455	0.208216	0.170269	0.168488	0.168813	0.296072	0.579042	0.966917	0.02773	-0.78826	
P34910_rTShLTPWPKPS_T2_S3_1	P34910	E12B	2124	ectopic viral integration site 2B	T267,S268	99.27,92.19	NE12KTRTSIISLTPW_E12KTRTSIISLTPW	0.282274	0.267728	0.203222	0.185049	0.153432	0.107841	0.148774	0.215075	0.59255	0.919506	0.036835	-0.75499	
P35367_rAGGGVSLKSPQTK_S10_1	P35367	HRH1	3269	histamine receptor H1	S275	100	GGGVSLKSPQTKPE	0.250175	0.316789	0.293073	0.146385	0.15104	0.115978	0.137804	0.286679	0.480692	0.482406	0.02651	-1.05682	
P35611_rAVVTPPTTAPAHK_T5_1	P35611	ADD1	118	adducin 1	T11	99.59	DSRAAVVTPPTTAP	0.219739	0.205474	0.240672	0.133105	0.116497	0.195537	0.14838	0.221962	0.668491	0.305748	0.048086	-0.58102	
P35611_rAVVTPPTTAPAHKR_T5_S6_1	P35611	ADD1	118	adducin 1	T11,S12	49.76,49.76	DSRAAVVTPPTTAP_SRAAVVTPPTTAP	0.217818	0.202167	0.20581	0.134087	0.092382	0.148305	0.124957	0.235092	0.531387	0.674135	0.08917	-0.91217	
P35611_rHFLK_S3_1	P35611	ADD1	118	adducin 1	S726	99.76	KKFFKSTFLKSKK	0.19775	0.220019	0.116321	0.143832	0.102341	0.128698	0.124957	0.212621	0.590476	0.905932	0.03485	-0.76005	
P36507_rKPVLPALINPTIAGSPSEGAELNVDLQK_S19_P36507	P36507	MAP2K2	5605	mitogen-activated protein kinase kinase 2	S23	100	FTIAGSPSEGAEL	0.127896	0.200799	0.199304	0.133873	0.113144	0.115759	0.120925	0.210367	0.593538	0.206394	0.015079	-0.75259	
P36507_rKPVLPALINPTIAGSPSEGAELNVDLQK_S19_P36507	P36507	MAP2K2	5605	mitogen-activated protein kinase kinase 2	S23,725	40.78,40.78	FTIAGSPSEGAEL_IAGSPSEGAEL	0.224898	0.253023	0.179258	0.134524	0.117366	0.09497	0.11562	0.21906	0.5278	0.442227	0.01385	-0.92194	
P36915_rLQQQPSGLGPR_S7_1	P36915	GNL1	2794	G protein nuclear 1	S34	99.76	RLQQPSGLGPR	0.247623	0.270204	0.210143	0.16987	0.114186	0.141311	0.141789	0.221597	0.639851	0.793994	0.018226	-0.64419	
P36915_rLQQQPSGLGPR_S7_1	P36915	GNL1	2794	G protein nuclear 1	S68	100	RLQQPSGLGPR	0.224898	0.253023	0.179258	0.134524	0.117366	0.09497	0.11562	0.21906	0.5278	0.442227	0.01385	-0.92194	
P37802_rASQAQGMtGYmPr_S3_1	P37802	TAGLN2	8407	transgelin 2	S185	94.95	MGTNQASQAQGM	0.295606	0.217412	0.252337	0.143969	0.092711	0.120786	0.119155	0.255118	0.467058	0.600792	0.007341	-1.09833	
P38398_rSPFHHTLAAGDQK_S3_T6_1	P38398	BRC1A	672	BRC1A associated ATM activator 1	S1191,T1194	44.96,44.96	GELSSPFFHTLTHLAAGDQK	0.313217	0.274203	0.320961	0.214063	0.209797	0.223055	0.215638	0.307293	0.712163	0.135951	0.004453	-0.89973	
P39687_rRTPDVKVLVDNR_S5_1	P39687	ANP32A	8125	acidic nuclear phosphoprotein 32 family member A	T15	98.71	ELRNRTPDVKVLEL	0.169224	0.148829	0.180978	0.131292	0.112783	0.103932	0.117822	0.166341	0.708306	0.688612	0.013879	-0.40974	
P39687_rRTPDVKVLVDNR_S5_1	P39687	ANP32A	8125	acidic nuclear phosphoprotein 32 family member A	S15,S17	50.50	HELNRTPDVKVLEL	0.142178	0.150652	0.152673	0.131009	0.11567	0.093401	0.11336	0.103401	0.75422	0.255362	0.039477	-0.49755	
P42166_rASFSFQNFQPSSELSRFAK_S2_1	P42166	TMPO	7112	thymopoietin	S442	91.24	ERVDFQNFQPSSELSRFAK	0.218746	0.209971	0.314791	0.100316	0.131129	0.166157	0.139867	0.147836	0.564355	0.283905	0.040781	-0.82333	
P42166_rASFSFQNFQPSSELSRFAK_S2_1	P42166	TMPO	7112	thymopoietin	S279	99.99	SEANLFLKSSSELSRFAK	0.223958	0.137549	0.188309	0.125664	0.088259	0.10827	0.100731	0.24327	0.414068	0.235614	0.027376	-1.27026	
P42166_rASFSFQNFQPSSELSRFAK_S2_1	P42166	TMPO	7112	thymopoietin	S272	100	QLQLASERNLFTIS	0.244841	0.318318	0.187928	0.122936	0.07755	0.104294	0.101594	0.250362	0.405786	0.217141	0.02045	-1.30121	
P42166_rRPLPAGINSK_T9_1	P42166	TMPO	7112	thymopoietin	T57	98.95	RPLPAGINSKGPDD	0.211353	0.18366	0.243521	0.122805	0.10124	0.089952	0.107665	0.12845	0.50584	0.323543	0.005099	-0.98325	
P42166_rRPLPAGINSK_T9_1	P42166	TMPO	7112	thymopoietin	T160	97.98	GTESSSPLPTISS	0.22834	0.226745	0.237675	0.147294	0.150584	0.202136	0.166672	0.23092	0.721771	0.071077	0.02373	-0.47039	
P42166_rRPLPAGINSK_T9_1	P42166	TMPO	7112	thymopoietin	T57	98.95	RPLPAGINSKGPDD	0.246044	0.176372	0.244071	0.122412	0.116685	0.091546	0.110214	0.221262	0.496099	0.292533	0.01687	-1.0113	
P42167_rVEHNQSYQAQITETWSSGSK_Y8_S9_1	P42167	TMPO	7112	thymopoietin	S222,Y222,S224	33.17,33.17,33.17	RRVHNQSYQAQITETWSSGSK	0.275193	0.186727	0.232615	0.168775	0.140499	0.10069	0.106625	0.231256	0.902035	0.748631	0.042422	-0.76064	
P42167_rRPLPAGINSK_T9_1	P42167	TMPO	7112	thymopoietin	T160	97.98	GTESSSPLPTISS	0.265819	0.127447	0.238213	0.146824	0.173558	0.187008	0.16913	0.240593	0.702971	0.836494	0.017343	-0.50846	
P42226_rGKGYVPATIK_Y5_1	P42226	STAT6	6778	signal transducer and activator of transcription 6	Y641	100	MGKDRGYVPATIKM	0.261756	0.166869	0.163368	0.057452	0.041371	0.058485	0.051223	0.197331	0.259577	0.04669	0.042522	-1.94576	
P42226_rGKGYVPATIK_Y5_1	P42226	STAT6	6778	signal transducer and activator of transcription 6	Y641	100	MGKDRGYVPATIKM	0.244566	0.243643	0.243122	0.085726	0.099953	0.107885	0.078955	0.243777	0.360391	0.00294	0.040891	-1.47236	
P42226_rGKGYVPATIK_Y5_1	P42226	STAT6	6778	signal transducer and activator of transcription 6	S178	99.78	REANCSPPGAGLVD	0.171645	0.192429	0.205568	0.128964	0.109667	0.141289	0.141289	0.210927	0.641249	0.703189	0.02129	-0.70319	
P42229_rYMSDLSRPLPAGLFTSAR_S11_1	P42229	STAT5A	6776	signal transducer and activator of transcription 5A	S780	98.14	YMSDLSRPLPAGLFTSAR	0.222191	0.18049	0.193425	0.126852	0.07766	0.137617	0.114043	0.187309	0.608851	0.98222	0.048579	-0.71584	
P42231_rYMSDLSRPLPAGLFTSAR_S11_T18_S19_S24_P2229	P42231	STAT5A	6776	signal transducer and activator of transcription 5A	S780	77.87,57.88	99.27,25,25,25,25,01,25,01	DLSDLSRPLPAGLFT_SPPAGLFTSARGLSLS_SPPAGLFTSARGLSLS_LFTSAR	0.182923	0.163328	0.149303	0.124556	0.141384	0.108091	0.124677	0.161584	0.52474	0.985718	0.041604	-0.40588
P42329_rKSDLPAPPAK_S7_1	P42329	ARHGAP21	9938	Rho GTPase activating protein 25	S362	100	KSKDPLPSPAPPAK	0.167888	0.176625	0.168078	0.102394	0.083572	0.135807	0.107258	0.17127	0.674878	0.685348	0.014894	-0.67466	
P42345_rDSYAGSVEILDVGLVGEPAHKH_T3_1	P42345	MTOR	2475	mechanistic target of rapamycin	S2448	86.27	RSRTRDYSAGGSV	0.187601	0.191655	0.198014	0.148282	0.12314	0.135661	0.135955	0.192424	0.704667	0.296852	0.001947	-0.50499	
P42345_rDSYAGSVEILDVGLVGEPAHKH_T3_1	P42345	MTOR	2475	mechanistic target of rapamycin	T2444	74.07	KGKRSRTRDYSAGGSV	0.167853	0.17668	0.17712	0.144565	0.110152	0.125458	0.126425	0.158883	0.714735	0.000329	0.03693	-0.48452	
P42345_rDSYAGSVEILDVGLVGEPAHKH_T3_1	P42345	MTOR	2475	mechanistic target of rapamycin	T2444,S2448	48.28,48.28	KGKRSRTRDYSAGGSV	0.213215	0.203563	0.217617	0.18176	0.150628	0.11533	0.150506	0.211465	0.711731	0.101117	0.003025	-0.40623	
P42345_rDSYAGSVEILDVGLVGEPAHKH_T3_S5_1	P42345	MTOR	2475	mechanistic target of rapamycin	T2444,T2446	53.33,33,33,33,33,32,32	KGKRSRTRDYSAGGSV_NKRSRTRDYSAGGSV_RSRTRDYSAGGSV	0.237996	0.182688	0.227076	0.160424	0.12466	0.115237	0.13344	0.171213	0.612918	0.191123	0.014458	-0.79026	
P42345_rDSYAGSVEILDVGLVGEPAHKH_T3_S5_Y6_S7_P24345	P42345	MTOR	2475	mechanistic target of rapamycin	S2446,S2448	Y23,33,33,33,23,33,23,33	NKRSRTRDYSAGGSV	0.174028	0.164502	0.176416	0.131902	0.133038	0.101046	0.125029	0.171649	0.7284	0.38543	0.004917	-0.47572	
P42356_rKTSVSSVQSPER_S4_1	P42356	PKA	5247	phosphatidylinositol 4-kinase alpha	S287	87.83	TKRSTVSSVQSPER	0.176441	0.184914	0.159547	0.113387	0.109133	0.107925	0.110181	0.173634	0.586396	0.842061	0.001845	-0.75002	
P42926_rASNRKQYVEMAPEVNR_T7_1	P42926	NKAP3	2310	SMC condensin II complex subunit D3	S234,S5517	49.98,49.98	AFYQQRSTVEMAPEVNR	0.167388	0.199924	0.198904	0.100656	0.089656	0.105474	0.147999	0.123292	0.700299	0.338397	0.035491	-0.51196	
P46821_rLGDVPTDQNVLSQGSFRETID_S6_1	P46821	MAP1B	4311	microtubule associated protein 1B	S1501	99.99	ERLGDVPTDQNVLSQGSFRETID	0.16786	0.226216	0.175112	0.142569	0.11195	0.124307	0.126275	0.189729	0.665556	0.380006	0.035873	-0.58737	
P46832_rKXSVSESGANMNLVAIR_S3_1	P46832	REX5	5993																	

Q09472_030VPPSPRPQSQPHHSPPSR_S1_1	Q09472	EP300	2033 E1A binding protein p300	52325	88.35	PQSQPHHSPPSRM	0.227157	0.29125	0.236601	0.152682	0.13684	0.189581	0.159701	0.242294	0.712014	0.420373	0.021313	-0.49002	
Q09472_IGSINEIPRRFPVNTSPPAALPAR_S12_S20_2	Q09472R	FCH02	115548 FCH and mu domain containing endocytic adaptor 2	5488.5496	100.97.28	NEIPIRFPSPVNTSNT.PPVTSNTSPPAAL	0.185229	0.175848	0.193138	0.121554	0.134371	0.122265	0.126063	0.184738	0.682389	0.818448	0.000835	-0.55133	
Q09472_IGSINEIPRRFPVNTSPPAALPAR_S12_T16_2	Q09472R	FCH02	115548 FCH and mu domain containing endocytic adaptor 2	5488.1492	100.81.1	NEIPIRFPSPVNTSNT.RFSPVNTSNTSPP	0.186004	0.157249	0.155976	0.103919	0.132558	0.107207	0.114802	0.155852	0.376612	0.063747	0.010771	-0.44102	
Q09472_IGSINEIPRRFPVNTSPPAALPAR_S12_T16_S1_1	Q09472R	FCH02	115548 FCH and mu domain containing endocytic adaptor 2	5488.1492.5493	100.46.8.46.8	NEIPIRFPSPVNTSNT.RFSPVNTSNTSPPA	0.156318	0.155648	0.171229	0.105915	0.134453	0.10386	0.114743	0.161065	0.172399	0.419396	0.01402	-0.68924	
Q09472_IGSINEIPRRFPVNTSPPAALPAR_S12_S21_1	Q09472R	FCH02	115548 FCH and mu domain containing endocytic adaptor 2	5488.1492.5496	49.98.49.98.99.92	NEIPIRFPSPVNTSNT.RFSPVNTSNTSPPA	0.171462	0.130575	0.16484	0.117049	0.138163	0.075348	0.10352	0.157026	0.620557	0.001572	0.029886	-0.40275	
Q09472_IGSINEIPRRFPVNTSPPAALPAR_S12_T19_S21_1	Q09472R	FCH02	115548 FCH and mu domain containing endocytic adaptor 2	5488.1492.5496	92.5.48.17.48.17	NEIPIRFPSPVNTSNT.RFSPVNTSNTSPPA	0.179958	0.159969	0.18082	0.123376	0.136923	0.093257	0.117519	0.183531	0.640321	0.291953	0.00956	-0.64133	
Q09472_IGSINEIPRRFPVNTSPPAALPAR_S12_S21_S21_1	Q09472R	FCH02	115548 FCH and mu domain containing endocytic adaptor 2	5488.1492.5496	49.95.49.95.98.65	NEIPIRFPSPVNTSNT.RFSPVNTSNTSPPA	0.118479	0.142054	0.148552	0.097783	0.107064	0.085263	0.096703	0.130362	0.718005	0.673131	0.03963	-0.43089	
Q09472_IGSINEIPRRFPVNTSPPAALPAR_S12_S20_2	Q09472R	FCH02	115548 FCH and mu domain containing endocytic adaptor 2	5488.1492.5496	88.54.99.83	NEIPIRFPSPVNTSNT.RFSPVNTSNTSPPA	0.152323	0.145776	0.162024	0.102829	0.117121	0.094925	0.104558	0.153474	0.684326	0.091093	0.03812	-0.54724	
Q12789_DSJLDTSSVEPNVSVSHADNSGDIAVIEVR_S23	Q12789	GF3C1	2975 general transcription factor IIIC subunit 1	5573	81.61	FVSHCADNSGDIAV	0.185918	0.175121	0.187265	0.10838	0.154007	0.107339	0.123272	0.182768	0.674472	0.117046	0.020036	-0.56817	
Q12789_GNLRNINIGEAR_S3_1	Q12789	GF3C1	2975 general transcription factor IIIC subunit 1	51173	100	PLSARGNLRNINIGEAR	0.20537	0.241067	0.158369	0.118287	0.096015	0.101687	0.096015	0.101687	0.201602	0.543938	0.220854	0.017028	-0.98737
Q12802_RPRAVLVDVETATTFIFANRR_S5_1	Q12802	AKAP13	11214 A-kinase anchoring protein 13	18176	100	QPKRPRRSLVLDVE	0.210401	0.192801	0.156084	0.130645	0.108412	0.10568	0.114912	0.186429	0.616386	0.392439	0.016034	-0.69809	
Q12802_ILSHGTDLSNK_S3_1	Q12802	AKAP13	11214 A-kinase anchoring protein 13	19127	92.46	INTWFKILSHGTDLSNK	0.186146	0.243827	0.182945	0.143497	0.100787	0.156253	0.130474	0.204630	0.638645	0.798758	0.04446	-0.64691	
Q12802_SAVLLVDVETATTFIFANRR_S1_1	Q12802	AKAP13	11214 A-kinase anchoring protein 13	18176	100	QPKRPRRSLVLDVE	0.196996	0.212544	0.237839	0.13039	0.100702	0.094849	0.108647	0.215793	0.503478	0.921572	0.002714	-0.9	
Q12802_SAVLLVDVETATTFIFANRR_S1_1	Q12802	AKAP13	11214 A-kinase anchoring protein 13	18176	100	QPKRPRRSLVLDVE	0.2895	0.216898	0.273122	0.121658	0.089102	0.128193	0.112985	0.25984	0.434823	0.464345	0.004251	-1.2015	
Q12802_SAVIQNTGVGNDNmnsNTW_S3_1	Q12802	AKAP13	11214 A-kinase anchoring protein 13	19106	93.63	VLSLSVSIQNTGVG	0.295244	0.269354	0.178834	0.130413	0.095334	0.113667	0.113138	0.247811	0.45655	0.152264	0.012146	-1.13116	
Q12830_ILFTPLAATATASTTTTSTTAAGTGEORQK_T4_1	Q12830	BP1F	2186 bromodomain PHD finger transcription factor	22328	88.04	TWPRFLPTPLAATAT	0.199411	0.19474	0.180988	0.085772	0.115691	0.104931	0.102131	0.191713	0.523731	0.5708	0.00098	-0.90852	
Q12830_ILTSATSTNSIOSSASQPPRQGGQV_S7_1	Q12830	BP1F	2186 bromodomain PHD finger transcription factor	23223	65.56	KLITSATSTNSIOSS	0.177833	0.289556	0.249577	0.145465	0.127015	0.118275	0.124517	0.272322	0.521872	0.811796	0.001071	-0.93823	
Q12873_LSPITPEASANPSTSPATPAPSEK_TS_S13_2	Q12873	CHD3	1107 chromodomain helicase DNA binding protein 3	15140.15149	87.27.96.52	FKTSTPEASANPSTSPATPAPSEK	0.199333	0.200502	0.214284	0.13193	0.177702	0.138179	0.14927	0.202523	0.723828	0.169134	0.019061	-0.46268	
Q12873_HLEHECFEPEL_S10_1	Q12873	TRAF2	7186 TNF receptor associated factor 2	11650	91.57	EHECFEPEL	0.242843	0.242555	0.191573	0.148886	0.161698	0.13394	0.146927	0.256627	0.641343	0.610032	0.015656	-0.64083	
Q12968_KTSEDAQAILPK_S3_1	Q12968	NFATC3	4775 nuclear factor of activated T-cells 3	5344	96.48	PLKTKTSEDAQAIL	0.220739	0.204371	0.211891	0.108567	0.12431	0.120574	0.117817	0.212334	0.554869	0.99606	0.000147	-0.84978	
Q12968_H5EDQAALPKGLKLSDDQGSLSIPAR_S3_1	Q12968	NFATC3	4775 nuclear factor of activated T-cells 3	5344	89.47	DLKTKTSEDAQAIL	0.21455	0.234251	0.247873	0.109494	0.163049	0.120077	0.130873	0.234526	0.558033	0.35656	0.00457	-0.84158	
Q13029_RFSQQLQPSLSDAGLQK_T6_1	Q13029	PRDM2	7799 PR/SET domain 2	7423	88.63	LKRFSQQLQPSLSD	0.217128	0.251084	0.257791	0.123734	0.173026	0.158645	0.151801	0.242031	0.627198	0.848017	0.009544	-0.67301	
Q13029_RFSQQLQPSLSDAGLQK_T6_1	Q13029	PRDM2	7799 PR/SET domain 2	5742.5743	95.62.95.39	RRFSQQLQPSLSDAGLQK	0.186168	0.163109	0.218627	0.131316	0.142302	0.112195	0.128604	0.189301	0.679364	0.459615	0.029712	-0.56774	
Q13094_nEDDNDHQWRPLPQALLPMSSNFFPS_S21_S22_S1_1	Q13094	LC2	3937 lymphocyte cytosolic protein 2	5338.5339.7341	25.25.25.25	QALLPMSSNFFPS	0.218808	0.248127	0.243385	0.160649	0.163697	0.193761	0.172694	0.236773	0.729363	0.849897	0.010052	-0.45529	
Q13112_OTPDPSSVTVSIVSTEEICSDTQAGQAPL_S21_1	Q13112	CHAF1B	8208 chromatin assembly factor 1 subunit B	5538	79.38	TPDQDPSSVTVSIVS	0.217663	0.228952	0.177221	0.16172	0.18604	0.166211	0.171324	0.239609	0.175012	0.336072	0.02008	-0.48996	
Q13177_YLSTFTPEKDFPSGTALNAK_S5_1	Q13177	PAK2	5062 p21 (RAC1) activated kinase 2	5117	88.84	FKYKYLSTFTPEKDF	0.197959	0.198697	0.155683	0.144009	0.109967	0.114724	0.122927	0.171468	0.716025	0.766238	0.047438	-0.48192	
Q13177_YLSTFTPEKDFPSGTALNAK_S5_1	Q13177	PAK2	5062 p21 (RAC1) activated kinase 2	5117	88.15	HYGKYLSTFTPEKDF	0.143141	0.161995	0.149814	0.120137	0.091117	0.087037	0.102764	0.15285	0.672319	0.722394	0.016844	-0.57278	
Q13177_YLSTFTPEKDFPSGTALNAK_S3_1	Q13177	PAK2	5062 p21 (RAC1) activated kinase 2	5141.7143	47.05.47.05	TKYKYLSTFTPEKDF	0.171282	0.161995	0.149814	0.120137	0.091117	0.087037	0.102764	0.15285	0.672319	0.722394	0.016844	-0.57278	
Q13177_YLSTFTPEKDFPSGTALNAK_S3_1	Q13177	PAK2	5062 p21 (RAC1) activated kinase 2	5143.5141.7143	31.67.31.67.31.67	SNYKYLSTFTPEKDF	0.152327	0.190238	0.196544	0.126072	0.110184	0.142827	0.126361	0.179643	0.703401	0.643864	0.033366	-0.50758	
Q13188_SKT3	Q13188	STK3	6788 serine/threonine kinase 3	7384	98.42	GMKNKNTSSTK3	0.262523	0.265886	0.20947	0.138661	0.115425	0.141118	0.131735	0.27596	0.595355	0.334334	0.04666	-0.90779	
Q13206_nSSEVEDGPTSHNR_S1_1	Q13206	DDX10	1662 DEAD-box helicase 10	8829	95.47	KQMGKNSSEVEDG	0.174015	0.223047	0.216113	0.157806	0.127154	0.138968	0.14133	0.204392	0.691367	0.508682	0.023631	-0.53248	
Q13206_nSSEVEDGPTSHNR_S1_1	Q13206	DDX10	1662 DEAD-box helicase 10	8831	93.57	GMKNSSEVEDG	0.189874	0.176438	0.218661	0.130912	0.122544	0.149857	0.134438	0.194991	0.689456	0.592361	0.015112	-0.53647	
Q13370_hSAAEKPVRIR_S2_S3_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	5279.5280	50.50	PLHPRLSAAEKPVRIR	0.180697	0.18471	0.202567	0.128591	0.133902	0.165376	0.142623	0.139823	0.753325	0.510666	0.042456	-0.60886	
Q13370_rSFGTSGLLPVEQSSR_S3_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	5441.5442	45.78.45.78	PFLRLLSFGTSGLLP	0.242432	0.247801	0.228106	0.186141	0.131772	0.153486	0.157133	0.239873	0.655069	0.247139	0.008301	-0.41028	
Q13370_rSFGTSGLLPVEQSSR_S3_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	5442	54.02	YLHPRLSFGTSGLLP	0.276308	0.214409	0.28606	0.166437	0.146616	0.148623	0.153892	0.258926	0.594394	0.146142	0.017075	-0.75062	
Q13501_S1SS4S2PDSFSPGGNVGGATQSLAEQMRK_T23_S1	Q13501	PDZAP1	8733 PDZFA associated protein 1	5176	89.97	GKNVGLS1SS4S2PDS	0.241545	0.222405	0.264036	0.143681	0.127197	0.184763	0.178721	0.216289	0.697614	0.265483	0.018179	-0.51385	
Q13546_mQLDQLDQVAVPSR_S3_1	Q13546	RIPK1	8737 receptor interacting serine/threonine kinase 1	5320	100	AVYKQLDQLDQVAV	0.183934	0.198989	0.207973	0.136994	0.095402	0.139179	0.123858	0.196965	0.628833	0.930291	0.009992	-0.66925	
Q13546_mQLDQLDQVAVPSR_S4_1	Q13546	RIPK1	8737 receptor interacting serine/threonine kinase 1	5320	100	AVYKQLDQLDQVAV	0.245522	0.226813	0.197405	0.111866	0.086259	0.130806	0.109644	0.223427	0.491132	0.91863	0.03967	-1.02582	
Q13546_rVSHDFPAQRRPVEQNTFGK_S3_1	Q13546	RIPK1	8737 receptor interacting serine/threonine kinase 1	5416	100	EERRRSHDFPAQQ	0.269754	0.187206	0.222878	0.14794	0.142249	0.112717	0.134302	0.226613	0.592649	0.345177	0.024607	-0.75475	
Q13905_GKRRSPSPVSPASPDGAPLPTOR_T7_S8_1	Q13905	RAPGE1	2889 Rap guanine nucleotide exchange factor 1	7216.5217	49.61.49.61	RRSPSPVSPASPDGAPLPTOR	0.158315	0.160887	0.181898	0.111711	0.103838	0.144689	0.121483	0.266637	0.59768	0.299474	0.00748	-0.87451	
Q14149_HLSEGTNSYATR_S4_1	Q14149	MORC3	23515 MORC family CW-type zinc finger 3	5514	100	SVPRHLSEGTNSYATR	0.274255	0.2254	0.219941	0.16805	0.150762	0.099147	0.13932	0.398465	0.580824	0.820755	0.020291	-0.78383	
Q14149_HLSTRSLINAK_S5_S7_2	Q14149	MORC3	23515 MORC family CW-type zinc finger 3	5546.5550	87.21.99.23	NLSLRSLINAK	0.386202	0.262882	0.267165	0.168174	0.144459	0.091124	0.154856	0.304616	0.440663	0.482383	0.02116	-1.18225	
Q14149_sSILINAK_S5_1	Q14149	MORC3	23515 MORC family CW-type zinc finger 3	5550	95.6	RNLSLRSLINAK	0.219666	0.247728	0.316263	0.105886	0.068041	0.109052	0.094326	0.171052	0.348001	0.361337	0.004676	-0.82824	
Q14164_QDASPPPAPVSPPTKR_S5_1	Q14164	IKBKE	9641 inhibitor of nuclear factor kappa B kinase subunit epsilon	5664	100	RANQDASPPPAPVSPPTKR	0.196445	0.214972	0.172187	0.094193	0.080657	0.143512	0.194535	0.549511	0.592223	0.017785	0.017785	-1.57428	
Q14178_HSLPDVYTL_S3_1	Q14178	PTP2B2	9185 protein tyrosine kinase 2 beta	5778	100	HNVFRHSLPDVYTL	0.225835	0.194608	0.18886	0.159731	0.133312	0.113626	0.117603	0.207108	0.567826	0.307972	0.021427	-0.81449	
Q14498_rYRYSRGR_VS_1	Q14498	RM38P	9584 RNA binding motif protein 39	99.09	99.09	YRYSRGR	0.162695	0.187455	0.17813	0.128102	0.096363	0.13807	0.119942	0.176093	0.681125	0.470866	0.012155	-0.55401	
Q14541_QYSSVPSSTADGDKL_S6_1	Q14541	HNFG4	1314 hepatocyte nuclear factor 4 gamma	5121	87.61	SQYSSVPSSTADGDKL	0.187249	0.206124	0.174175	0.153919	0.105323	0.147939	0.135727	0.189183	0.717439	0.53734	0.040421	-0.47007	
Q14653_sPLNDPTTFNGLGSPEN																			

Q16204_V5SP1PPTPAPSSSRPSPGLSYASHYVGTFFPTLSTR_S1_Q16204	CDC6	8030	coiled-coil domain containing 6	S352.S367	73.3,52.11	LRPRTVSP1PTPPTP...PSSSRPISPLGYSAY	0.221094	0.216882	0.262549	0.122672	0.120932	0.127241	0.123615	0.256955	0.252949	0.031509	-0.91752		
Q16152_dPPSPSSSLQSTAPALPSETQTPGALCSPLRK_Q16152	PKN1	5585	protein kinase N1	S573.S575	43.91,43.91	SSRDPSSPSSSSSR...RDPPSPSSSPLSQI	0.149137	0.190103	0.165883	0.114395	0.121615	0.139101	0.125037	0.168368	0.742641	0.551138	0.036176	-0.42926	
Q16153_sLPFESVAVIQ_S5_1	PKN2	5586	protein kinase N2	S25		99.9 DSRRSPLFESSVAVIQ	0.238703	0.246610	0.254826	0.145007	0.171127	0.111892	0.145342	0.242765	0.598696	0.294641	0.030694	-0.74011	
Q1M515_Q1RRPVSIVSR_S6_1	CSPP1	29848	centrosome and spindle pole associated protein 1	S901		100 SKLGRSPVDSVIRIS	0.195863	0.249246	0.180158	0.134164	0.115076	0.160658	0.136633	0.208422	0.655557	0.570934	0.044019	-0.60921	
Q2KH13_sRNVVGGGGHMK_S3_1	Q2KH13	73724	C-type lectin domain family 16 member A	S707		92.03 MFKGRSRRVGGGHS	0.242029	0.243711	0.203081	0.193225	0.125511	0.130310	0.130588	0.206287	0.655853	0.554495	0.055018	-0.60856	
Q2KH18_Q2KH18AP2ASSOCIATEKINASE1	AAK1	22848	AP2 associated kinase 1	T681.S682	50.50	100 TFGSGRRSSGTVYVM...PFGSGRVSQQNVYMP	0.261123	0.285395	0.287862	0.179302	0.153138	0.157324	0.254477	0.62556	0.418669	0.021573	-0.57689		
Q2B726_IH5EAEFTPKL_S3_1	Q2B726	211830	TWIST neighbor	S316		100 KQKTRRSHSTFWAS	0.206781	0.165989	0.207144	0.118296	0.159749	0.141942	0.139995	0.193205	0.742421	0.871719	0.042748	-0.45653	
Q3V672_Q2HDFLTL_T2_S3_1	Q3V672	55704	coiled-coil domain containing 88A	T1819.S1820	50.50	100 ABCTTTRTSIHDHFLT...EGTTRTSIHDHFLTE	0.26354	0.262231	0.212278	0.154843	0.137611	0.152218	0.148224	0.204616	0.633391	0.218607	0.006122	-0.65885	
Q4KM77_Q4PQLGSSSLISPLGLK_S10_1	Q4KM77	26000	TBC1 domain family member 10B	S658		93.21 PPLGSPKSSLSLDPGL	0.297735	0.269727	0.221225	0.127533	0.126279	0.159984	0.151732	0.262896	0.577157	0.619503	0.014465	-0.79296	
Q4KMQ2_m1EAVDNNLRKPE_S13_1	Q4KMQ2	196527	anoctamin 6	S909		100 DNNLRPKSLE	0.216957	0.187183	0.188675	0.10305	0.121291	0.112888	0.11241	0.197605	0.568886	0.45701	0.005111	-0.81385	
Q4L180_nSNSNSVITDENK_S6_S7_1	Q4L180	11259	filamin A interacting protein 1 like	S1052.S1053	49.7,49.7	100 QRNSNSSSPVTTED...RNSNSSSVITTEK	0.144888	0.174954	0.171746	0.112359	0.105071	0.110484	0.109505	0.163863	0.668271	0.105284	0.005156	-0.58149	
Q53E70_q5FTPMrPLTSSITQGVPLDTSK_S3_1	Q53E70	200186	CREB regulated transcription coactivator 2	S456		99.92 Q4LTKPQFPSTMTD...S456	0.284837	0.349058	0.229656	0.158109	0.086184	0.119318	0.145804	0.272524	0.535011	0.659249	0.003039	-0.90236	
Q53Q23_nH5QHILK_S1_1	Q53Q23	158483	Rho GTPase activating protein 15	S64		100 SRHRNNHSQIHLVDG	0.205561	0.201943	0.180302	0.120963	0.102355	0.135353	0.119557	0.195935	0.610187	0.810695	0.003511	-0.71268	
Q53Q23_sMILTGVGK_S1_1	Q53Q23	158483	Rho GTPase activating protein 15	S64		100 DRLSGLQKMLTVDG	0.331604	0.307498	0.260754	0.143978	0.129856	0.147056	0.140447	0.299952	0.468231	0.125975	0.001757	-1.09471	
Q53T74_gsmPAYSNGMMKDSSEINSEVAAR_Y6_1	Q53T74	79901	cytochrome b reductase 1	Y252		58.05 ARGSMFAYSNGMMK	0.214409	0.174963	0.19856	0.134047	0.147561	0.159971	0.147193	0.196044	0.750817	0.594245	0.023648	-0.41347	
Q58A45_r5HTNPASVYVMPSSASTSVNPPSTPSSGQVIOK_Q58A45	Q58A45	255967	PAH3 poly (A) specific ribonuclease subunit	S374		49.64 ASTVWYVSSASTVNP	0.304443	0.254467	0.21725	0.117493	0.100982	0.144679	0.166855	0.25872	0.644963	0.330039	0.02393	-0.63271	
Q58A45_r5HTNPASVYVMPSSASTSVNPPSTPSSGQVIOK_Q58A45	Q58A45	255967	PAH3 poly (A) specific ribonuclease subunit	S361.T363	49.49,49.49	100 SPFRRSRSHSTFWAS...APFRRSRSHSTFWAS	0.295205	0.280826	0.217181	0.1618	0.168139	0.133919	0.154619	0.264437	0.584711	0.312971	0.017383	-0.77421	
Q58A45_sHNPASVYVMPSSASTSVNPPSTPSSGQVIOK_T_Q58A45	Q58A45	255967	PAH3 poly (A) specific ribonuclease subunit	T363		87.53 APRRSRSHSTFWAS	0.293305	0.329568	0.191173	0.168058	0.129195	0.14256	0.146604	0.217386	0.540205	0.140582	0.044025	-0.88842	
Q5HY13_IEMKSPAG8NDGSDGDTNVLQSLK_S12_1	Q5HY13	143684	family with sequence similarity 76 member B	T333		66.25 RGRSDSSISNQSDAS	0.262627	0.241927	0.224844	0.150189	0.146114	0.202311	0.162605	0.204863	0.673322	0.617339	0.020725	-0.57063	
Q5J8M3_gRSDRGGQGDSPYVGVLDK_S5_S7_1	Q5J8M3	51234	ER membrane protein complex subunit 4	S32.S36	49.96,49.96	66.25 GGGSRDRSGSDGSGG...RGRSDRSGSDGSGG	0.191422	0.195849	0.198858	0.094142	0.112642	0.094074	0.100286	0.193576	0.513296	0.217795	0.00013	-0.96214	
Q5J8M3_gRSDRGGQGDSPYVGVLDK_S7_1	Q5J8M3	51234	ER membrane protein complex subunit 4	S36		90.77 RGRSDRSGSDGSDLY	0.215689	0.165115	0.228254	0.095264	0.1256	0.097151	0.106005	0.203019	0.522142	0.401918	0.010977	-0.93748	
Q5J8M3_sDRSGQGDSPYVGVLDK_S1_1	Q5J8M3	51234	ER membrane protein complex subunit 4	S32		99.49 GGGSRDRSGSDGSDLY	0.216867	0.186843	0.280095	0.103913	0.155591	0.147196	0.135567	0.227935	0.59476	0.506811	0.043938	-0.74962	
Q5J8M3_sDRSGQGDSPYVGVLDK_S5_1	Q5J8M3	51234	ER membrane protein complex subunit 4	S36		92.03 RGRSDRSGSDGSDLY	0.212626	0.204398	0.259303	0.090937	0.173421	0.132006	0.132211	0.225442	0.586054	0.680307	0.03342	-0.77089	
Q5J8M3_sDRSGQGDSPYVGVLDK_Y12_1	Q5J8M3	51234	ER membrane protein complex subunit 4	Y43		84.21 SGQGDLYVYPVGLDK	0.195173	0.226602	0.211609	0.078161	0.111382	0.12841	0.115869	0.211258	0.548811	0.675884	0.001005	-0.86562	
Q5J8R6_w5AEAGSPGSPDPSG52ATmN5SRSGPvR_P2R_S3I8R6	Q5J8R6	379506	MIA family member 3, ER export factor	S1741.S1744.S1	52.41,45.63,49.48	100 ATMMNSRSGSPTRVLD...MNSRSGSPTRVLD	0.225444	0.256716	0.213654	0.13307	0.183233	0.134955	0.157086	0.230052	0.675625	0.874512	0.01589	-0.56571	
Q5JTD0_q5FEELIPAFK_S1_1	Q5JTD0	39643	high junction associated protein 1	S3943		100 SLGTARSRSGSLEPFL	0.176582	0.212427	0.195129	0.109398	0.145923	0.148834	0.134718	0.194306	0.69011	0.824668	0.023646	-0.52905	
Q5M775_r5AETDNLNKGTAASGVVVR_S5_S4_1	Q5M775	92521	sporoin antigen with calponin homology and coiled-coil do	SS4.S55	49.67,49.67	100 SRTLRNKRSHSTFWAS...SRLKRASSEDTLNKP	0.24331	0.2005	0.191486	0.156349	0.163932	0.153341	0.157874	0.21765	0.745513	0.074811	0.029721	-0.42369	
Q5P879_sMULPTSPVQVQVSGPVELEGAR_S3_1	Q5P879	55095	sterile alpha motif domain containing 4B	S238		87.73 SPLKNSMILLTSPQ	0.24107	0.242789	0.258478	0.210546	0.105197	0.121635	0.145792	0.247464	0.589189	0.055702	0.03755	-0.7632	
Q5Q828_T2SSDILTSSSSGPR_S3_1	Q5Q828	424F10	79269	DDB1 and CUL4 associated factor 10	S349		76.84 LRRARTRTSSSDILTS	0.178172	0.259474	0.238676	0.125568	0.090991	0.154579	0.123713	0.225441	0.548759	0.724576	0.029067	-0.86575
Q5T200_sKSLSPSPLR_S1_1	Q5T200	23931	zinc finger CCH-type containing 13	S204		72.87 VSPEVVRKSLSPSS	0.221532	0.20691	0.228086	0.155159	0.158855	0.170116	0.161377	0.21677	0.744462	0.45755	0.004154	-0.42573	
Q5T5Y3_sPQGGDILTSESPDFLEPMVAVPKAK_S1_1	Q5T5Y3	157922	calmodulin regulated spectrin associated protein 1	S575		100 GLTANRSPQGGDILT	0.197777	0.191832	0.224222	0.094593	0.135992	0.117219	0.114105	0.204611	0.575668	0.814497	0.040389	-0.84252	
Q5T6Y3_kASGTAYAGPPTSALPAQR_S3_1	Q5T6Y3	27245	AT-hook DNA binding motif containing 1	S868		100 PRFSKASGTAYAGP	0.226563	0.244901	0.248533	0.157325	0.194585	0.180079	0.177333	0.299997	0.338992	0.564424	0.008067	-0.43566	
Q5V522_nTGVSPASRPPTGTPTSSMLTSLGK_S5_1	Q5V522	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2	S473		87.74 VMKTRVSPASRPSP	0.242971	0.203886	0.177142	0.130609	0.128977	0.157221	0.138936	0.206	0.687802	0.608786	0.019095	-0.53993	
Q5VU44_v5PAHRPVLQQLK_S2_S7_2	Q5VU44	24149	zinc finger protein 318	S2030.S2035	99.99,92.48	100 DCTTRVSPFAHRSP...RVSFAHRSPVTLQK	0.194991	0.173992	0.171247	0.114046	0.121594	0.126393	0.102676	0.162076	0.744574	0.207123	0.027001	-0.42551	
Q5VZ89_r5SYGYAK_S3_1	Q5VZ89	55667	DENN domain containing 4C	S1184		100 DLNRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5VZ93_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5VZ93	55667	DENN domain containing 4C	T1324		93.75 RTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747	0.510663	0.020434	-0.55993	
Q5ZK9_r5WYAGQAEYQK_Q5_1	Q5ZK9	55667	DENN domain containing 4C	S304		100 EYRTRNRSYLYGVAR	0.250482	0.225675	0.210949	0.156241	0.127746	0.138715	0.157046	0.231035	0.679747				

Q86V55_g5GHVLPAGAGLN2_S1	Q86V55	PRAG1	157285	PEAK1 related, kinase-activating pseudokinase 1	S889	100	LKFAFGKSGHNLPA	0.3302	0.34002	0.34902	0.168829	0.137273	0.182088	0.16273	0.341069	0.477118	0.30384	0.000247	-1.06758		
Q86V55_HHPFVSSDPLEK_S5_7	Q86V55	PRAG1	157285	PEAK1 related, kinase-activating pseudokinase 1	S877.5878	48.72,48.72	NRHVFVSSDPLEK_RHHVFVSSDPLEK	0.273568	0.282801	0.260441	0.117038	0.179796	0.130729	0.142521	0.236303	0.603127	0.965136	0.026792	-0.72947		
Q86V55_LKFAVFPVGGSTGSPQQPPPLQK_S10_1	Q86V55	PRAG1	157285	PEAK1 related, kinase-activating pseudokinase 1	S798		74.74	FAPVFGSSSTGSDVS	0.27516	0.249298	0.183022	0.13024	0.151294	0.112822	0.191495	0.597658	0.490831	0.016939	-0.74261		
Q86V55_SAFAPFPK_S1_S3_1	Q86V55	PRAG1	157285	PEAK1 related, kinase-activating pseudokinase 1	S694.5696	50,50	Y6GKSKSASFAPEFK	0.267255	0.261518	0.203607	0.16946	0.106703	0.167204	0.147789	0.244116	0.605403	0.988682	0.029032	-0.72403		
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_1	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.172925	0.166021	0.189948	0.117327	0.122203	0.107620	0.175988	0.125202	0.175988	0.711421	0.508965	0.012109	-0.49122
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_2	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S69		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.191776	0.207165	0.189948	0.117327	0.122203	0.107620	0.175988	0.125202	0.175988	0.711421	0.508965	0.012109	-0.49122
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_3	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.232515	0.296092	0.240019	0.168566	0.117484	0.153312	0.146454	0.253209	0.578293	0.644161	0.016106	-0.78888	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_4	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.208418	0.268522	0.28701	0.136881	0.148602	0.116139	0.148934	0.254605	0.584858	0.162556	0.012938	-0.77384	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_5	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.207848	0.205136	0.192911	0.114428	0.128486	0.151886	0.141591	0.201965	0.701609	0.201801	0.013981	-0.51237	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_6	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.170778	0.149874	0.194308	0.134208	0.117478	0.088011	0.115001	0.171653	0.66996	0.92098	0.040124	-0.57785	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_7	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.3248	0.24327	0.193978	0.067535	0.078789	0.065334	0.069286	0.254016	0.272762	0.015445	0.03917	-1.87429	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_8	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.158662	0.16549	0.136574	0.11599	0.094524	0.106416	0.105743	0.145975	0.724394	0.564424	0.029065	-0.46515	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_9	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.22409	0.175473	0.251097	0.09654	0.144484	0.099323	0.113449	0.216886	0.523081	0.660587	0.018686	-0.93489	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_10	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.152499	0.178696	0.149966	0.092255	0.092547	0.114739	0.099847	0.160537	0.621954	0.799965	0.006723	-0.68512	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_11	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.178542	0.207503	0.184668	0.119767	0.134961	0.115352	0.128753	0.190237	0.676803	0.42943	0.003472	-0.56319	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_12	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.23654	0.231554	0.251152	0.173795	0.158348	0.153732	0.161954	0.239748	0.675518	0.968435	0.000774	-0.56959	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_13	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.242127	0.276941	0.185281	0.115947	0.146368	0.157156	0.139824	0.234783	0.959545	0.351662	0.002362	-0.74772	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_14	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.202028	0.262939	0.204885	0.172416	0.152786	0.16961	0.164937	0.229564	0.719108	0.22158	0.024928	-0.47572	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_15	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.183444	0.172825	0.164982	0.079648	0.089832	0.131218	0.247859	0.106302	0.251815	0.090913	0.007608	-0.76508	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_16	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.244757	0.272652	0.229026	0.137146	0.088234	0.110688	0.122419	0.046297	0.338262	0.001468	-1.05597		
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_17	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.192808	0.220669	0.243481	0.120697	0.085462	0.10397	0.102186	0.221719	0.489122	0.637481	0.002768	-1.11363	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_18	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.239664	0.232005	0.247168	0.164917	0.143519	0.130201	0.146212	0.239612	0.610203	0.315633	0.001062	-0.71264	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_19	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.22452	0.258947	0.260112	0.138728	0.115992	0.138921	0.131218	0.247859	0.105643	0.956689	0.001115	-0.91266	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_20	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.287111	0.358478	0.343046	0.240663	0.16893	0.199886	0.194493	0.329545	0.590187	0.557317	0.006125	-0.76076	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_21	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.263391	0.308023	0.252465	0.20151	0.131311	0.158237	0.163866	0.274626	0.596032	0.817084	0.014	-0.74654	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_22	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.195963	0.151393	0.16552	0.117493	0.118613	0.136594	0.124234	0.147625	0.711138	0.551084	0.021197	-0.43129	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_23	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.148847	0.155491	0.195112	0.111849	0.123852	0.10669	0.11213	0.166353	0.67405	0.349943	0.027491	-0.56907	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_24	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.198571	0.196512	0.16185	0.133141	0.095952	0.140393	0.123162	0.167285	0.794569	0.746409	0.026611	-0.56927	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_25	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.29472	0.297398	0.24764	0.106628	0.105605	0.109335	0.107189	0.279919	0.382929	0.009442	0.008399	-1.38485	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_26	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.129421	0.174688	0.197316	0.11932	0.134556	0.159594	0.13661	0.181402	0.753082	0.723552	0.028102	-0.40912	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_27	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.201422	0.152137	0.202301	0.125773	0.143085	0.125916	0.131591	0.185287	0.710203	0.214607	0.037641	-0.4937	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_28	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.21808	0.166704	0.221493	0.152832	0.135261	0.1522	0.146764	0.202092	0.726225	0.19077	0.041168	-0.46151	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_29	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.29831	0.352112	0.316121	0.132692	0.127661	0.152627	0.13766	0.302688	0.454791	0.10073	0.008289	-1.13672	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_30	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.138519	0.199548	0.150232	0.120139	0.109122	0.126274	0.118512	0.179433	0.660479	0.202641	0.018075	-0.59841	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_31	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.195303	0.143061	0.173411	0.130787	0.082466	0.108891	0.107382	0.170591	0.629467	0.919275	0.037377	-0.66782	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_32	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.125138	0.215128	0.204505	0.145128	0.104505	0.104519	0.104519	0.104519	0.104519	0.104519	0.104519	0.104519	-0.65396
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_33	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.185667	0.161316	0.160486	0.10649	0.10649	0.10649	0.10649	0.10649	0.10649	0.10649	0.10649	0.10649	-0.60878
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_34	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.238286	0.197964	0.284021	0.094349	0.090066	0.124785	0.103067	0.236757	0.435528	0.268746	0.01956	-1.59893	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_35	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.165727	0.179151	0.197875	0.126705	0.089478	0.142518	0.102444	0.206839	0.665379	0.489628	0.032599	-0.59897	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_36	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.175579	0.184627	0.186764	0.123729	0.097442	0.135644	0.118939	0.182323	0.65235	0.168948	0.005792	-0.61628	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_37	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.190407	0.21657	0.192458	0.126009	0.095096	0.11553	0.112145	0.199812	0.561254	0.923998	0.002085	-0.83327	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_38	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.29297	0.299788	0.208174	0.128362	0.082045	0.075664	0.095357	0.266977	0.357174	0.482015	0.007111	-1.4853	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_39	Q8U181	IRF2BP1	26145	interferon regulatory factor 2 binding protein 1	S66		100	HYLVEKSSSFAPEFK	0.221696	0.237006	0.181957	0.154297	0.145221	0.151331	0.152083	0.213553	0.703728	0.051694	0.018994	-0.50691	
Q8U181_sPQPPALHPTK_S1_																					

QBPFZ7_r5FSFK_Q3_1	Q9BP27	MAPKAP1	79109	MAPK associated protein	5510		94.11	RKLNRRTRFSFQKKE	0.226345	0.193299	0.190554	0.141345	0.143866	0.159917	0.148376	0.203399	0.729481	0.407364	0.012954	-4.5506
QBPFZ7_r5FSFK_Q3_T2_1	Q9BP27	MAPKAP1	79109	MAPK associated protein	5510	50,50		QRLKNRRTRFSFQKKE	0.219072	0.212527	0.155831	0.14382	0.131562	0.129834	0.135072	0.19581	0.689811	0.091732	0.041768	-0.5373
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_1	Q9BFQ6	SENP7	57337	SUMO specific peptidase 7	T09		98.98	RKLGRRPSSSEITE	0.025456	0.199734	0.24445	0.118634	0.161803	0.173003	0.151147	0.233213	0.694805	0.972392	0.025996	-6.2527
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T1_T10_1	Q9BRP8R	PYM1	84305	PYM homolog 1, exon junction complex associated factor	T112.T121	47.05;47.05		BAEALSRLLDKQVLE	0.029413	0.239601	0.224434	0.122002	0.112829	0.126607	0.14015	0.218489	0.641448	0.675556	0.027565	-0.8901
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BVC6	UTP14A	10813	UTP14A small subunit protein processome component	S434.S437	50,50		RRLRRKRSLEQLPSSG	0.225651	0.247852	0.2952	0.122001	0.142879	0.176609	0.13756	0.258481	0.536253	0.671724	0.008198	-6.4606
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BWC19	KIFC1	3833	kinesin family member C1	S23		98.98	RKLRKRSLEQLPSSG	0.045986	0.39317	0.248971	0.098218	0.033376	0.065007	0.0692	0.356043	0.19436	0.33307	0.06997	-2.332
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BWH6	RPAP1	26015	RNA polymerase II associated protein 1	S286.T268	49.47;49.47		YALRLKAPQLPSSG	0.144008	0.174841	0.165186	0.076219	0.078249	0.075729	0.076586	0.161345	0.474673	0.018247	0.017079	-1.0749
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BWT3	PAPOIG	64895	poly (A) polymerase gamma	S708		98.98	RKRRKLPSKELPSSG	0.193833	0.147859	0.229138	0.135811	0.130547	0.16213	0.142829	0.21277	0.672844	0.954682	0.007978	-5.7166
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BWT3	PAPOIG	64895	poly (A) polymerase gamma	S708		98.98	RKRRKLPSKELPSSG	0.246612	0.222619	0.278636	0.111891	0.12558	0.150346	0.129272	0.249289	0.518564	0.649572	0.003703	-0.94741
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BX84	OSBP11	114881	oxysterol binding protein like 11	S289		83.2	HQKGLSPQSTLIEWL	0.268814	0.293258	0.238824	0.146146	0.119829	0.157766	0.141247	0.266966	0.529083	0.673972	0.002885	-0.91843
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BXC1	KLF16	83855	Kruppel like factor 16	T225.S226	35.74;35.74		RRPGRASRSPDLSL	0.232453	0.255797	0.261836	0.124996	0.159839	0.159485	0.148107	0.250029	0.592359	0.750824	0.002227	-7.5546
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BZ23	PANK2	80025	pantothentic kinase 2	S189		92.59	TRRDLGSLYSSVAV	0.22665	0.22301	0.204318	0.114812	0.131919	0.139344	0.128692	0.28006	0.590312	0.952473	0.000881	-0.76045
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BZ23	PANK2	80025	pantothentic kinase 2	S188		83.49	EVRLRRASASVAV	0.253971	0.228425	0.238735	0.133204	0.124098	0.137908	0.131737	0.240377	0.548041	0.459703	0.001212	-0.86764
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BZF2	OSBP17	55824	oxysterol binding protein like 7	S272		100	RPLRGLSVYVNLRSY	0.185218	0.224514	0.14142	0.11101	0.085332	0.107812	0.101385	0.183717	0.551853	0.203587	0.031335	-0.85764
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9BZC2	FAM129A	116496	family with sequence similarity 129 member A	S602		100	ASPARASAILPQVL	0.184855	0.118841	0.234587	0.154706	0.125066	0.171332	0.139588	0.212761	0.749048	0.288959	0.028164	-0.41687
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9C073	FAM117A	81558	family with sequence similarity 117 member A	S178		100	GRKRRGSLPQGDRA	0.151171	0.154622	0.120559	0.092064	0.088229	0.094689	0.094994	0.142117	0.598058	0.753523	0.014078	-0.74154
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9C073	FAM117A	81558	family with sequence similarity 117 member A	S193.S199.S200	1100;48.09;48.09		VKGLRALSPFPSPG	0.132579	0.129981	0.129909	0.081771	0.095329	0.116212	0.095641	0.127626	0.756025	0.272659	0.047024	-0.40348
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9C073	FAM117A	81558	family with sequence similarity 117 member A	S213		100	LSFCRLHSLQGLQNE	0.211681	0.209588	0.162488	0.080767	0.080164	0.090819	0.08317	0.94256	0.431259	0.0885	0.00253	-1.21337
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9C011	MTMR12	54545	myotubularin related protein 12	S564		93.21	FKHQQLSLPDLTQSK	0.234002	0.244652	0.194124	0.168072	0.110829	0.135511	0.138137	0.124564	0.611259	0.925093	0.018959	-6.9907
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9GZY6	LAT2	7462	linker for activation of T-cells family member 2	S135		89.5	PEDDDANSYENLVIC	0.205473	0.231373	0.193766	0.161094	0.09U86	0.162673	0.156741	0.210204	0.745662	0.355344	0.012027	-0.42341
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9GZY6	LAT2	7462	linker for activation of T-cells family member 2	Y136		86.57	PEDDDANSYENLVIC	0.222651	0.224891	0.204243	0.135902	0.145658	0.154291	0.145284	0.212624	0.668703	0.794693	0.010031	-0.58056
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9GZY6	LAT2	7462	linker for activation of T-cells family member 2	S106		100	SKGSHGSEAYLIDP	0.21097	0.204335	0.210385	0.117343	0.07612	0.13705	0.120668	0.208563	0.578569	0.113201	0.000594	-0.78944
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9GZY6	LAT2	7462	linker for activation of T-cells family member 2	Y136		89.91	SLREDQKSTFGRTSY	0.201641	0.200909	0.163211	0.105315	0.104562	0.127213	0.112333	0.188887	0.595658	0.507336	0.065556	-0.74744
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H086	KLC2	64837	kinesin light chain 2	S582		93.33	PRMKRASSLNFLNK	0.209523	0.209568	0.17823	0.160079	0.107687	0.109715	0.127826	0.199107	0.641998	0.458713	0.030781	-0.78076
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H086	KLC2	64837	kinesin light chain 2	S581.S582	50,50		NPRMKRASSLNFLNK	0.243996	0.233164	0.230486	0.124649	0.17084	0.203565	0.166151	0.238602	0.704442	0.065152	0.040966	-0.50545
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H086	XRN2	22803	5' to 3' exonuclease 2	S471		82.3	MRQKNGSISLIPNT	0.210721	0.186438	0.17974	0.150378	0.128164	0.154151	0.144231	0.19271	0.85119	0.317996	0.014198	-0.41498
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H187	IRF2BP4	64207	interferon regulatory factor 2 binding protein like 4	S69		100	GCYQDGRSPPFPV	0.212523	0.206694	0.212503	0.156173	0.115654	0.163905	0.145244	0.107907	0.688663	0.039611	0.045714	-0.53813
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H2L5	RASSFL	83937	Ras association domain family member 4	S91		86.14	SNMRPSPRCLPEPS	0.212645	0.210774	0.198504	0.165037	0.14041	0.122175	0.142541	0.207307	0.687581	0.226195	0.007978	-0.5404
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H2L5	RASSFL	83937	Ras association domain family member 4	S91.S98	45.87;45.87		SNMRPSPRCLPEPS	0.241253	0.21501	0.21661	0.158773	0.144865	0.107433	0.137024	0.224291	0.610191	0.469716	0.007601	-0.71095
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H4A3	WNK1	65125	WNK lysine deficient protein kinase 1	T245		100	MTSRRKSTLDDLHK	0.189607	0.216638	0.227215	0.127978	0.159829	0.156895	0.148234	0.211154	0.702021	0.903835	0.014136	-0.51041
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H4L7	SMARCAD1	56916	SMW/SNF-related, matrix-associated actin-dependent regu	S79		99.95	PDKERKASISYFQNG	0.24465	0.267632	0.276765	0.130337	0.117483	0.118462	0.122094	0.263016	0.464207	0.315062	0.000172	-1.10716
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H4L7	SMARCAD1	56916	SMW/SNF-related, matrix-associated actin-dependent regu	S79.S81	48.23;48.23		PDKERKASISYFQNG	0.260745	0.264909	0.266736	0.135428	0.107347	0.13221	0.124955	0.26413	0.473233	0.07676	0.00104	-1.07938
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H7D0	DOCK5	80005	dedicator of cytokinesis 5	S1834		89.55	YEGSQNSTELAPPL	0.136677	0.148175	0.203731	0.072017	0.105052	0.132176	0.103861	0.172226	0.598526	0.945148	0.004704	-0.74572
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H7D0	DOCK5	80005	dedicator of cytokinesis 5	S1834.T1835	37.2;37.2		YEGSQNSTELAPPL	0.184823	0.152322	0.134608	0.083098	0.08084	0.094647	0.080195	0.136174	0.632976	0.161437	0.003061	-0.60928
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H7D0	DOCK5	80005	dedicator of cytokinesis 5	S1830.S1834	46.16;46.16		KSKYFEGSQNSTEL	0.165187	0.1121	0.19509	0.082031	0.106657	0.084046	0.090912	0.124248	0.638043	0.169692	0.040621	-0.64828
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H7E2	TDRD3	81500	tdrd3 domain containing 3	S421		94.06	LKKRKLRSQSDNVT	0.258926	0.241362	0.162789	0.146273	0.111717	0.140304	0.139515	0.220265	0.61493	0.123162	0.049338	-0.71011
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	S89.T90	49.99;49.99		ERRKRSTDSVSSVSG	0.240792	0.282665	0.269896	0.197801	0.163585	0.169473	0.176953	0.264451	0.669134	0.814168	0.005791	-0.57963
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	S89		81.29	KRRRSTDSVSSVSG	0.229388	0.201625	0.27657	0.174535	0.156561	0.162356	0.164484	0.276414	0.61107	0.17919	0.006852	-0.71059
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	S89.T90.S92.S93	24.7;24.7;24.7;24.7		ERRKRSTDSVSSVSG	0.241613	0.269633	0.277388	0.212665	0.138807	0.155156	0.168876	0.262878	0.642412	0.381019	0.019502	-0.63843
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HAC8	UBT1D	80129	ubiquitin domain containing 1	S164		92.97	TGKDVRLSALPDTV	0.246529	0.21243	0.18277	0.080313	0.093904	0.108724	0.098414	0.228154	0.424801	0.307024	0.007824	-1.22296
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HB80	SLC38A10	124565	solute carrier family 38 member 10	S612		100	PRPQVALSEQNGKLA	0.155925	0.213809	0.149941	0.084186	0.075784	0.082131	0.080701	0.173225	0.465872	0.03037	0.043313	-1.10199
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HC35	EML4	72436	EMAP like 4	S200		96.44	NKLKIPSTKFLPLA	0.151971	0.25391	0.249095	0.110773	0.07557	0.13879	0.103817	0.183777	0.246204	0.465503	0.044107	-1.01041
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HC8K	CHD8	57680	chromatin domain helicase DNA binding protein 8	S1978		88.46	GAPASLSRSGTPLL	0.215846	0.271805	0.158184	0.123677	0.084026	0.120831	0.109523	0.139278	0.50875	0.206005	0.039751	-0.97497
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HNP6	DC1A	55802	decapping mPNA 1A	S525		94.06	KSRASPSPLTITGTP	0.195602	0.260939	0.185415	0.136357	0.089429	0.174729	0.124398	0.215825	0.581341	0.72155	0.038886	-0.78254
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HNS0	TRIP3	23303	kinesin family member 13B	S410		100	SNGKRWSEQQVQYQ	0.203036	0.219627	0.196219	0.119957	0.034361	0.077408	0.096932	0.137501	0.54001	0.502369	0.02096	-0.88948
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HR12	PDUM7	9260	PDZ and LIM domain 7	S550.S526	50,50		FTPLQRTSIVQAAAG	0.256852	0.266517	0.200603	0.131047	0.089036	0.123672	0.117585	0.241324	0.487249	0.383115	0.00564	-1.03727
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HR19	ACSS2	55902	acyl-CoA synthetase short-chain family member 2	S30		91.2	GGRRSSPSPPEVSR	0.180359	0.183337	0.174109	0.128135	0.110011	0.143734	0.127923	0.179968	0.10072	0.144449	0.006802	-0.49396
QBPFZ7_r5PSSIIHQK_Q3_T5_1	Q9HR48	EIF4EF1	56478	eukaryotic translation initiation factor 4E nuclear import f	S577.Y580	50,50		VEQTAAADYLRRLP	0.177434											

QBUIF2_uISGTStEKNPMSMDTANTSFPK_S3_S8_1	QBUIF2	RASAL2	9462	RAS protein activator like 2	S18.S23	37.68;37.68	SPRRRSISGTSTSEK.SISGTSTSEKPNMSD			0.220401	0.25019	0.265719	0.125718	0.129523	0.151959	0.135733	0.245437	0.553028	0.540797	0.002162	-0.85458
QBUIU6_amsTTSISSPQPGK_S3_1	QBUIU6	DBNL	28988	drebrin like	S269		92.94	KQKERAMSTTSISSP		0.255895	0.259609	0.180498	0.171606	0.082121	0.124294	0.125703	0.232001	0.541823	0.98725	0.044222	-0.88411
QBUIU6_amsTTSISSPQPGK_S3_T4_T5_1	QBUIU6	DBNL	28988	drebrin like	S269	T270.T271	32.75;32.75;32.75	KQKERAMSTTSISSP.QKERAMSTTSISSPP.KERAMSTTSISSPPQ		0.280407	0.246683	0.203303	0.166798	0.127564	0.141345	0.145236	0.243464	0.596538	0.419195	0.017345	-0.74531
QBUIU6_qLQPEHFGR_T3_1	QBUIU6	DBNL	28988	drebrin like	T291			99.97	PFLQQLQQLQPEHFHG	0.308755	0.22948	0.261064	0.143036	0.157429	0.187365	0.16261	0.266443	0.610322	0.486077	0.017243	-0.71236
QBUIK61_kNTQIQLDLSPPDVQNSILEDKYLDSSEER_S10_1	QBUIK61	TASOR	23272	transcription activation suppressor	S1552			99.97	TQIQLDLSPPDVQNSL	0.202855	0.188865	0.210728	0.125667	0.155601	0.155298	0.145855	0.200809	0.726338	0.571921	0.010052	-0.46129
QBUIK61_kNTQIQLDLSPPDVQNSILEDKYLDSSEER_S10_1	QBUIK61	TASOR	23272	transcription activation suppressor	S1552			87.11	TQIQLDLSPPDVQNSL	0.156788	0.204863	0.191551	0.120624	0.124441	0.155862	0.133646	0.184411	0.724717	0.755019	0.049097	-0.46451
QBUIK61_nMRGAIISGK_S3_1	QBUIK61	TASOR	23272	transcription activation suppressor	S658			100	KFKKRWNSRREAIIIS	0.175901	0.167389	0.211091	0.112137	0.150176	0.120047	0.130453	0.18476	0.706068	0.70323	0.030967	-0.50212
QBUIK2_qESFGPKAPRLrLcEPVnMeEK_S13_1	QBUIK2	CD42EP3	10602	CD42 effector protein 3	S144			99.5	PAKLFPLRcESFPWEE	0.179227	0.16336	0.16263	0.130941	0.082418	0.085735	0.099698	0.168406	0.592011	0.213797	0.014274	-0.75631
QBUIK3_vLrHySG_S5_1	QBUIK3	PARP4	143	poly(ADP-ribose) polymerase family member 4	S1722			99.98	LHRVLrHySQ	0.157925	0.195976	0.189251	0.107047	0.060017	0.084121	0.083728	0.181051	0.462458	0.854312	0.005599	-1.11261
QBUIK3_nEAPPVQVFNNSH_S3_1	QBUIK3	CASPRAP2	9994	casprase 8 associated protein 2	S875			100	AKVLENSPFPQVFNNS	0.179134	0.162878	0.177325	0.069834	0.093235	0.070185	0.077781	0.173112	0.449311	0.609147	0.000515	-1.15421
QBUIK3_kisvSATK_S3_1	QBUIK3	ACIN1	22985	Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S825			99.82	KSFKRKISVVSATKG	0.296746	0.322836	0.225392	0.153676	0.090595	0.118897	0.121056	0.181658	0.429797	0.563544	0.009494	-1.21827
QBUIK3_kpISITTESK_S3_1	QBUIK3	ACIN1	22985	Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S863			100	ATTQKPKISITTES	0.226556	0.221594	0.200476	0.147057	0.160546	0.153117	0.151474	0.216209	0.70059	0.68507	0.002786	-0.51336
QBUIK3_rAsHTLLPSHR_S3_1	QBUIK3	ACIN1	22985	Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S561			91.37	KQEGRAASHTLLPSH	0.263402	0.260698	0.252423	0.147287	0.171285	0.144226	0.154289	0.258841	0.596077	0.260116	0.003386	-0.74643
QBUIK3_rAsHTLLPSHR_S3_T5_1	QBUIK3	ACIN1	22985	Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S561.T563	50.50		91.37	KQEGRAASHTLLPSH.EGRRASHTLLPSHRL	0.21867	0.244759	0.191461	0.123867	0.141699	0.139907	0.135158	0.218297	0.619146	0.239049	0.00713	-0.69165
QBUIH0_rPSVITLWNNSAPANR_S3_T4_1	QBUIH0	KIDINS220	57498	kinase D-interacting substrate 220kDa	S1681.T1682	48.5;48.5			YNLNRPSTVTVLNNN.NLNRPTSTVTVLNNNS	0.215549	0.282344	0.227007	0.185818	0.145958	0.156268	0.162685	0.241633	0.673272	0.502302	0.029576	-0.57074
QBUIW0_rMMPNDEDEEEDVPVik_T5_1	QBUIW0	TPX2	23974	TPX2, microtubule nucleation factor	T499			100	RNRIRMPNDEDEEED	0.205071	0.235716	0.240798	0.159788	0.165973	0.187262	0.171008	0.230195	0.742882	0.568559	0.019229	-0.42879
QBUNNS_kpMMPENAEENEGDALLQTAEPSSR_S2_1	QBUNNS	FAF1	11124	Fas associated factor 1	S320			100	ASSALRKSFPMDENR	0.212849	0.264093	0.22305	0.119011	0.136357	0.161558	0.138975	0.23323	0.595614	0.767016	0.009099	-0.74755
QBUPNA_kRPAiLSTAPEK_S5_1	QBUPNA	CEP131	22994	centrosomal protein 131	S114			99.88	SDGKKRPAiLSTAPEK	0.164356	0.1995	0.230476	0.139041	0.1439	0.126304	0.136415	0.198111	0.688579	0.140326	0.357506	-0.53831
QBUPUS_nDINAEVALLTNERGLDYGVEPMDSDGGGpGpG	QBUPUS	USP24	23358	ubiquitin specific peptidase 24	S63			100	MDSGGGpGpGpGpGpG	0.220449	0.210762	0.225318	0.132952	0.16399	0.176966	0.157969	0.188843	0.721839	0.19385	0.011419	-0.47025
QBUPW6_nQoQAKESSPPREAEPPPPPTDScAK_S3_1	QBUPW6	SATB2	23314	SATB2 homeobox 2	S587			85.69	QVLRHQQAKESSPPREAE	0.148888	0.155684	0.144236	0.115039	0.112062	0.096601	0.107901	0.149602	0.721248	0.505528	0.00323	-0.47143
QBUCQ2_rnLPAmdNSR_T3_1	QBUCQ2	GAB2	9846	GRB2 associated binding protein 2	T391			100	ATIPIRNLTPAmdNSR	0.213638	0.250813	0.232034	0.185142	0.153004	0.182309	0.173485	0.232162	0.747259	0.956356	0.016823	-0.42032
QBY2D5_dAlGDGLQVPVSPSTSSR_S12_S14_1	QBY2D5	AKAP2	11217	A-kinase anchor protein 2	S152.S154	44.33;44.33			DSLQVPPVSPSTSSR.LQVPPVSPSTSSRC	0.180554	0.218152	0.194345	0.123333	0.112075	0.128001	0.121137	0.197684	0.612779	0.312649	0.003056	-0.70556
QBY217_kSHINSLSD_S3_1	QBY217	PIKFYVE	200576	phosphoinositide kinase, FYVE-type zinc finger containing	S307			99.96	PARNRSASINSLSD	0.221089	0.19899	0.175769	0.143732	0.102467	0.132967	0.126389	0.198616	0.636346	0.942951	0.015955	-0.65212
QBY216_kSHINQFVDR_S3_1	QBY216	FRMD48	23150	FERM domain containing 48	S628			91.79	RIHFRRSINQFVDR	0.223012	0.176394	0.195117	0.129583	0.117093	0.117905	0.121527	0.198814	0.613233	0.163037	0.050604	-0.70549
QBY2US_yHVSYHQEYNDGRKFRPR_T16_1	QBY2US	MAP3K2	10746	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 2	T283			96.41	EYNDGRKFRPR	0.189648	0.207034	0.18883	0.130272	0.15971	0.134476	0.141486	0.188504	0.750571	0.818598	0.030723	-0.41394
QBY2W1_qAYPR_S4_1	QBY2W1	THRAP3	9967	thyroid hormone receptor associated protein 3	S119			94.54	QNTKQAYPR	0.209052	0.176851	0.203462	0.14318	0.134802	0.146429	0.14147	0.196455	0.720116	0.21675	0.006399	-0.4737
QBY2X3_kIkeEPLSEEPcTSTAIASPEK_S8_1	QBY2X3	NOP58	51602	NOP58 ribonucleoprotein	S502			100	HKEEPLSEEPcTSTAIASPEK	0.158513	0.211144	0.170097	0.118223	0.127617	0.131093	0.125644	0.179918	0.698341	0.109564	0.298082	-0.518
QBY2X3_kIkeEPLSEEPcTSTAIASPEK_SR_1	QBY2X3	NOP58	51602	NOP58 ribonucleoprotein	S502			100	HKEEPLSEEPcTSTAIASPEK	0.147221	0.187738	0.161173	0.120437	0.126365	0.116782	0.121195	0.165377	0.732838	0.104631	0.02237	-0.44843
QBY2X3_kIkeEPLSEEPcTSTAIASPEK_S9_1	QBY2X3	NOP58	51602	NOP58 ribonucleoprotein	S502			100	HKEEPLSEEPcTSTAIASPEK	0.154421	0.167258	0.154499	0.103323	0.141846	0.10465	0.116606	0.158726	0.734638	0.204929	0.034168	-0.44489
QBY383_kMILDQLMGTSRSDGTTTR_S10_1	QBY383	LUC7L2	51631	LUC7 like 2, pre-mRNA splicing factor	S18			93.16	LDLQMGTSRSDGTTTR	0.182582	0.239111	0.20015	0.148277	0.121051	0.153536	0.140955	0.207281	0.680019	0.5329	0.027255	-0.55635
QBY450_kPVDQSTSRSESEIVK_S6_T8_S9_1	QBY450	HBS1L	10767	HBS1 like 2, pre-mRNA splicing factor	S149.T151.S152	32.28;32.28;32.28			AKGKPKVDQSTSRSES.GKPVDSQTSRSESEI.KPVDSQTSRSESEIV	0.206308	0.202862	0.154944	0.079645	0.097444	0.11193	0.09634	0.188038	0.512341	0.481162	0.008524	-0.96482
QBY4H2_rHNSASVNSLR_S4_1	QBY4H2	IRS2	8660	insulin like translational substrate 2	S1174			91.64	HNRKPNNSASVNSLR	0.174921	0.180061	0.206455	0.11555	0.089499	0.12613	0.110393	0.187126	0.58994	0.892948	0.006319	-0.76136
QBY572_nQMPSTGTSPGPR_S5_1	QBY572	RIPK3	11035	receptor interacting serine/threonine kinase 3	S410			89.59	TFRNQMPSTGTSPGPR	0.173021	0.142074	0.15815	0.107015	0.104437	0.13107	0.114174	0.187748	0.72377	0.947763	0.024078	-0.4664
QBY572_rHENQHRNDmvSEWLK_S7_1	QBY572	RIPK3	11035	receptor interacting serine/threonine kinase 3	S339			89.59	RTENQHRNDmvSEWLK	0.213006	0.201483	0.17411	0.15243	0.106595	0.101284	0.120103	0.1962	0.612146	0.670851	0.018765	-0.70805
QBY580_rRQPMSSETMPLYLcLc_S5_1	QBY580	CTDP1	9150	CTD phosphatase subunit 1	S839			98.92	SRRRKQPMSSETMPLYLcLc	0.247971	0.207386	0.210486	0.183193	0.147159	0.128466	0.152939	0.221948	0.689077	0.794812	0.028957	-0.53726
QBY608_rASATITLGSNSR_S13_S14_1	QBY608	LNRFP2	9209	LNR binding FliJ interacting protein 2	S323.S324	50.50			TFPLGNSRRRGSGD.TPLGNSRRRGSGDT	0.255748	0.1945	0.257196	0.169	0.181752	0.138489	0.16308	0.235814	0.691563	0.55888	0.040328	-0.53207
QBY613_kLAPKPEKPLPASP_S5_1	QBY613	FHOD1	29109	formin homology 2 domain containing 1	S510			100	VLLRQSLAPKPEK	0.220367	0.230711	0.193566	0.174715	0.140044	0.105103	0.139954	0.214881	0.651307	0.465505	0.030906	-0.61859
QBY66D_rHQHHLQLQVSHHEPESQLR_S10_1	QBY66D	ARFGF1	10565	ADP ribosylation factor guanine nucleotide exchange factor 2	S234			97.81	QHHLQLQVSHHEPESQLR	0.190511	0.216489	0.231284	0.174888	0.091806	0.103882	0.123525	0.212761	0.580582	0.349045	0.035243	-0.78443
QBY669_rSVSNVNASVPIAGSK_S1_1	QBY669	DYNC1L1	51143	dynein cytoplasmic 1 light intermediate chain 1	S412			99.6	SRPTNRVSNVNASVPIAGSK	0.28554	0.296511	0.27521	0.122052	0.102264	0.152812	0.152709	0.319087	0.393965	0.614844	0.006308	-1.34386
QBY669_rSVSNVNASVPIAGSK_S1_S4_1	QBY669	DYNC1L1	51143	dynein cytoplasmic 1 light intermediate chain 1	S412.S414.S415	33.33;33.33;33.33			SRPTNRVSNVNASVPIAGSK.RTPNRSVSNVNASVPIAGSK.RTPNRSVSNVNASVPIAGSK	0.225276	0.235713	0.179203	0.114217	0.082508	0.122009	0.106245	0.213397	0.497872	0.652432	0.007149	-1.00615
QBY613_kLAPKPEKPLPASP_S5_1	QBY613	EPN1	29924	epsin 1	T470			99.99	PTPPRKTPPEFLGP	0.22758	0.225871	0.240576	0.090264	0.121314	0.151146	0.120908	0.231342	0.522638	0.130473	0.00371	-0.93612
RAGMX8_rVRGSGDINAVGEGPQDEENTLNVANTSNSGL	RAGMX8	SLC30A1	7779	solute carrier family 30 member 1	S167.T168	44.52;44.52			PKGPRVKSrVRGSGD.KGPRVKSrVRGSGDI	0.1743	0.1851	0.165012	0.077948	0.110352	0.125984	0.104761	0.174804	0.599307	0.288228	0.010177	-0.73863
RAGMX8_rVRGSGDINAVGEGPQDEENTLNVANTSNSGL	RAGMX8	RANBP10																			

2. Phosphosites downregulated in shTBK1#1 cells (887 genes) (P<0.05, log2FC>0.4)

Unique_ID_REAL	Protein_ID	Gene	Gene_ID	Description	Prot_Loc	PTM_Score	Flank_Seq	shControl-shControl	shControl-shControl	shTBK1#1	shTBK1#1	shTBK1#1	shControl_F538	F test	P value	LogFC		
A0A087WTT2_1s2TDDGVDLQFK_S2_S3_T4_1	A0A087WTT2	TMEM230	29058	transmembrane protein 230	S23.S24.T25	32.81;32.81;32.81	0.178482	0.092467	0.144106	0.097201	0.111258	0.200896	0.55381	7.19056	0.031045	-0.85254		
A0A087WTT2_1s2TDDGVDLQFK_S3_T4_1	A0A087WTT2	TMEM230	29058	transmembrane protein 230	S24.T25	48.03;48.03	0.187169	0.2134	0.1536	0.116655	0.147685	0.104386	0.122909	0.184723	0.665367	0.713224	0.045699	-0.58778
A0A087WFX8_rRfCGDYTGQK_S3_1	A0A087WFX8	ZCHC17	51538	zinc finger CCHC-type containing 17	S136		0.363187	0.296866	0.302326	0.111955	0.093516	0.102804	0.102758	0.326763	0.314474	0.139738	0.000372	-1.66899
A0A087WY29_kLEVAQScDcEVEVLPLGLEIHPR_S3_1	A0A087WY29	SETDB2	83852	SET domain bifurcated 2	S437		0.215221	0.242931	0.190241	0.113926	0.113181	0.130418	0.119175	0.216131	0.551403	0.240644	0.00394	-0.85882
A0A087X0H9_sYLLPEQSPSSGLKVEFFHQEK_S12_1	A0A087X0H9	RBM26	64062	RNA binding motif protein 26	S92		0.126262	0.214194	0.201588	0.093632	0.118567	0.08432	0.09884	0.179781	0.554978	0.202212	0.048129	-0.86308
A0A087X188_slSPVPRV_S1_1	A0A087X188	BIN2	51411	bridging integrator 2	S291		0.165555	0.236919	0.255691	0.059281	0.077063	0.089542	0.075295	0.255355	0.294865	0.818539	0.00195	-1.76188
A0A087X1R1_sTSFGVNPANSIK_S1_1	A0A087X1R1	SMTN	5875	52S smoothelin	S875		0.397225	0.278898	0.327075	0.099788	0.118007	0.105298	0.107698	0.333303	0.320663	0.048129	0.20108	-1.63459
A0A087X1R1_sTSFGVNPANSIK_S1_T2_S3_1	A0A087X1R1	SMTN	5875	52S smoothelin	S875.T876.S877	33.33;33.33;33.33	0.25673	0.241344	0.217137	0.046321	0.077759	0.053834	0.059305	0.223137	0.265778	0.230255	0.00422	-1.91171
A0A087X1R1_sTSFGVNPANSIK_S1_T2_S3_1	A0A087X1R1	SMTN	5877	52S smoothelin	S877		0.261246	0.256548	0.275353	0.085307	0.128494	0.083796	0.099199	0.247649	0.400562	0.74822	0.001315	-1.3199
A0A087X2D8_dGGSGVVGASVFYK_S4_1	A0A087X2D8	SPAG9	5696	9043 sperm associated antigen 9	S584		0.187204	0.163691	0.20999	0.122271	0.105381	0.119413	0.115688	0.186962	0.618782	0.26461	0.007667	-0.6925
A0A087X2D8_kRSTLSQLPGDK_S3_1	A0A087X2D8	SPAG9	5696	9043 sperm associated antigen 9	S584		0.205292	0.198958	0.178189	0.115518	0.114132	0.087388	0.10568	0.194146	0.544329	0.888589	0.001968	-0.87745
A0A087X2D8_sASQSLDKLDLQELK_S5_S6_1	A0A087X2D8	SPAG9	5696	9043 sperm associated antigen 9	S584		0.205292	0.198958	0.178189	0.115518	0.114132	0.087388	0.10568	0.194146	0.544329	0.888589	0.001968	-0.87745
A0A096LP25_tQQQVYNPSEGSTWNPFPDDNFsk_T1_S2_1	A0A096LP25	AAK1	22848	AP2 associated kinase 1	T29.S30	49.81;49.81	0.21598	0.18767	0.220358	0.15865	0.129983	0.101697	0.13011	0.208003	0.625523	0.559359	0.015852	-0.67687
A0A096LPC5_gLrFDEEDEDLFSSQSANLk_S4_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S539		0.255856	0.335359	0.220697	0.074542	0.150298	0.069602	0.079677	0.270637	0.361987	0.479499	0.015756	-1.46599
A0A096LPC5_gLIAQWADGAlsPNGHRPQLR_S12_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S539		0.178273	0.173479	0.174473	0.139329	0.142614	0.110845	0.130929	0.175558	0.745789	0.049585	0.044408	-0.42316
A0A096LPC5_kTlFEEDKEDDLFAIAK_S3_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S539		0.179295	0.18603	0.173665	0.116559	0.14661	0.120179	0.127793	0.17754	0.719798	0.335588	0.006862	-0.47434
A0A096LPC5_kTlFEEDKEDDLFAIAK_T2_S3_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S563		0.188544	0.21789	0.191691	0.128517	0.135065	0.099754	0.121112	0.199375	0.607458	0.847725	0.005407	-0.71914
A0A096LPC5_kvQAGADIFGDEEGDLFK_S4_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S478		0.166114	0.204043	0.140345	0.093183	0.125855	0.074334	0.097791	0.170168	0.574672	0.796546	0.38595	-0.79919
A0A096LPC5_kvQAGADIFGDEEGDLFK_S4_T5_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S478		0.198902	0.222969	0.212624	0.1337	0.149824	0.116232	0.133252	0.194958	0.621226	0.765367	0.008249	-0.68819
A0A096LPC5_kvQAGADIFGDEEGDLFK_S4_T5_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S478.T479	50.50	0.198902	0.222969	0.212624	0.1337	0.149824	0.116232	0.133252	0.194958	0.621226	0.765367	0.008249	-0.68819
A0A096LPC5_kvQAGADIFGDEEGDLFK_S4_T5_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S478.T479	50.50	0.238333	0.187364	0.229894	0.179025	0.130656	0.166265	0.158649	0.18183	0.725981	0.914217	0.04844	-0.462
A0A096LPC5_rSPRTFADELAAR_S2_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S284		0.8273	0.18609	0.175496	0.094131	0.134038	0.124679	0.133339	0.21871	0.711484	0.606868	0.00346	-0.4911
A0A096LPC5_rSPRTFADELAAR_T5_S6_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	T287.S288	49.97;49.97	0.211989	0.163343	0.185491	0.13501	0.145781	0.141712	0.140834	0.189441	0.753362	0.094908	0.032899	-0.40859
A0A096LPC5_rTPSDDEEDNLFAPPK_T2_S4_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	T331.S333	50.50	0.148231	0.175417	0.208691	0.091862	0.115984	0.084313	0.097386	0.177466	0.548821	0.459878	0.31588	-0.86559
A0A096LPC5_rSPRTFADELAAR_S1_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S284		0.193356	0.174231	0.190867	0.15279	0.139137	0.124316	0.138748	0.186151	0.745349	0.695471	0.009617	-0.42401
A0A096LPC5_rTGVFDLEELLFSHK_S1_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S836		0.219783	0.218866	0.206769	0.116043	0.110866	0.079194	0.102034	0.210416	0.476551	0.341031	0.00895	-1.0693
A0A096LPC5_rTGLSDFEEDKEMEDQNIQAQPK_S6_1	A0A096LPC5	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S862		0.203981	0.204862	0.161438	0.122563	0.144633	0.108587	0.125261	0.190094	0.685946	0.698014	0.02166	-0.60177
A0A0A0MQS2_kASIGTYVEDYVAVLEK_S3_1	A0A0A0MQS2	CLASRP	11129	CLK4 associating serine/arginine rich protein	S102		0.183895	0.229827	0.199276	0.092664	0.160036	0.112298	0.121666	0.204332	0.959433	0.6257	0.26766	-0.74799
A0A0A0MQS2_ITRPAAsPAVGGK_S7_1	A0A0A0MQS2	CLASRP	11129	CLK4 associating serine/arginine rich protein	S547		0.245408	0.23305	0.23256	0.12622	0.162029	0.155923	0.148057	0.237006	0.624697	0.252428	0.001676	-0.68777
A0A0A0MR39_eVPGATGGdSHLQPAEPPGEP_R7_S11_1	A0A0A0MR39	MYF2	50804	myelin expression factor 2	T13.S17	50.50	0.19573	0.203613	0.209533	0.124894	0.163081	0.128948	0.138974	0.202959	0.684742	0.796546	0.007399	-0.54637
A0A0A0MRM9_gSGISVQVNSK_S3_S5_1	A0A0A0MRM9	NOLC1	9221	nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1	5695.S697	50.50	0.299189	0.268485	0.253498	0.057388	0.071632	0.058769	0.062746	0.27051	0.321955	0.312817	5.07E-05	-2.10808
A0A0A0MRM9_gSGISVQVNSKIFDSE_S15_1	A0A0A0MRM9	NOLC1	9221	nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1	5707		0.105187	0.200009	0.188362	0.164106	0.166441	0.106679	0.19584	0.544334	0.058643	0.015968	-0.87743	
A0A0A0MRM9_gSGISVQVNSK_S1_1	A0A0A0MRM9	NOLC1	9221	nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1	5707		0.265911	0.268107	0.303135	0.097514	0.122073	0.079872	0.09982	0.279051	0.357712	0.98355	0.00077	-1.83131
A0A0A0MRM9_gSYPGAGPLPPPPSQSPEPTPHPR_S14_1	A0A0A0MRM9	MBD1	4152	methyl-CpG binding domain protein 1	S330		0.266714	0.295254	0.30297	0.188495	0.171964	0.182397	0.180952	0.288313	0.627625	0.321571	0.000483	-0.67202
A0A0A0MRM9_gSYPGAGPLPPPPSQSPEPTPHPR_S14_S16_1	A0A0A0MRM9	MBD1	4152	methyl-CpG binding domain protein 1	S330		0.222767	0.186402	0.197609	0.148644	0.141659	0.119125	0.136476	0.20226	0.647575	0.813891	0.009228	-0.56756
A0A0A0MRM9_gSYPGAGPLPPPPSQSPEPTPHPR_S16_1	A0A0A0MRM9	MBD1	4152	methyl-CpG binding domain protein 1	S330.S332	49.77;49.77	0.195651	0.181944	0.222907	0.157289	0.138783	0.141046	0.1457006	0.20449	0.727988	0.379596	0.01231	-0.45801
A0A0A0MRM9_gSYPGAGPLPPPPSQSPEPTPHPR_S16_1	A0A0A0MRM9	MBD1	4152	methyl-CpG binding domain protein 1	S332		0.219165	0.180648	0.225574	0.159707	0.151313	0.142046	0.151022	0.208462	0.724456	0.233444	0.018337	-0.46503
A0A0A0MT60_dGSLPPELCSIPSHR_S3_1	A0A0A0MT60	FKBP15	23307	FK506 binding protein 15	S1049		0.251468	0.136643	0.185135	0.059391	0.072424	0.087663	0.073159	0.194862	0.382868	0.113667	0.026266	-1.38508
A0A0A0MT60_dGSLPPELCSIPSHR_S3_1	A0A0A0MT60	FKBP15	23307	FK506 binding protein 15	S1049		0.196017	0.197445	0.162172	0.126368	0.148595	0.139754	0.138239	0.185211	0.746387	0.478151	0.023699	-0.422
A0A0A0MT60_dGSEAEALSEIKDGSLPPELCSIPSHR_S15_1	A0A0A0MT60	FKBP15	23307	FK506 binding protein 15	S1049		0.18081	0.166069	0.177769	0.037562	0.036097	0.02799	0.033883	0.176306	0.192182	0.448409	2.25E-05	-2.37946
A0A0A0MT60_dGSEAEALSEIKDGSLPPELCSIPSHR_S10_1	A0A0A0MT60	FKBP15	23307	FK506 binding protein 15	S1043		0.281142	0.1681	0.297858	0.05126	0.027613	0.042018	0.040297	0.294903	0.161814	0.055427	0.11229	-2.62759
A0A0A0MT60_dGSEAEALSEIKDGSLPPELCSIPSHR_S10_S16_1	A0A0A0MT60	FKBP15	23307	FK506 binding protein 15	S1037.S1043	45.65;45.65	0.189867	0.195655	0.193438	0.048077	0.046864	0.047139	0.04736	0.192953	0.245444	0.093116	0.127E-07	-2.02653
A0A0A0MT60_nGSLNKLNSGIDFK_S7_1	A0A0A0MT60	FKBP15	23307	FK506 binding protein 15	T212	44.35;44.35	0.162527	0.220223	0.136532	0.064181	0.082624	0.114324	0.088257	0.173094	0.509877	0.512142	0.041603	-0.97178
A0A0A0MT3_kLTKNKHSGIDFK_T3_1	A0A0A0MT3	ILK	3611	integrin linked kinase	T712		0.108633	0.144147	0.174377	0.08633	0.094517	0.125903	0.10225	0.184271	0.545889	0.343429	0.01796	-0.84793
A0A0B41J58_rLsQLAHTPTAFK_S3_1	A0A0B41J58	PI4KB	5298	phosphatidylinositol 4-kinase beta	S523		0.158055	0.194391	0.196186	0.109866	0.110879	0.104363	0.108109	0.182877	0.591156	0.047792	0.24222	-0.75839
A0A0																		

AOA2R8Y4K8_nSDPVGHTEKvSLk_S14_1	AOA2R8Y4K8	SAMS/N1	64092 SAM domain, SH3 domain and nuclear localization signal S415		59.93	GHTEKVSLSKASDSM	0.147691	0.173052	0.207099	0.078403	0.099419	0.081115	0.086313	0.175947	0.490559	0.256416	0.008262	-1.0275
AOA2R8Y611_nTTSkSPKPDVPMVK_T4_S5_S7_1	AOA2R8Y611	APD31	8943 adaptor related protein complex 3 delta 1 subunit	T568.S569.S571	32.03;32.03;32.03	QKRRHTETSKSPKPEKD_RKI	0.116972	0.151837	0.130453	0.07546	0.101106	0.103718	0.093428	0.133088	0.702004	0.881974	0.04319	-0.51045
AOA2R8YDB8_VPQQQIHTHSPR_T9_S10_1	AOA2R8YDB8	SAP130	79595 Sin3A associated protein 130	T415.S416	49.96;49.96	VPQIHTHSPRQIHTHSPR	0.231306	0.213015	0.166947	0.12342	0.120942	0.118905	0.203765	0.583565	0.095922	0.012014	-0.77704	
AOA2R8YG42_msfGIYQK_S2_1	AOA2R8YG42	ARHGFE7	8874 Rho guanine nucleotide exchange factor 7	5497		LGASFRMSGGFYIGK	0.149095	0.228464	0.178413	0.067487	0.126297	0.076365	0.09005	0.184451	0.488204	0.802448	0.303882	-1.03445
AOA2R8YG42_msfGIYQK_S2_Y6_1	AOA2R8YG42	ARHGFE7	8874 Rho guanine nucleotide exchange factor 7	5497.Y501	50;50	LGASFRMSGGFYIGK_FRI	0.138063	0.230646	0.180824	0.05827	0.107466	0.080954	0.08223	0.183875	0.448907	0.440407	0.029047	-1.15551
AOA3B3IRW6_nSRLEDDQVIGVALQASQ_S1_S3_1	AOA3B3IRW6	QSER1	79832 glutamine and serine rich 1	5742.S744	50;50	YQVSGTIRSNRSLRQD_QS	0.192458	0.214613	0.166598	0.119952	0.145527	0.13555	0.139766	0.191223	0.69906	0.446853	0.021674	-0.51651
AOA3B3IS20_qLLQDQQQVQVGLKSPK_S17_1	AOA3B3IS20	FOXP1	27086 forkhead box P1	585		YQVSGTIRSNRSLRQD_QS	0.171313	0.210936	0.187588	0.11838	0.133348	0.13811	0.129946	0.189946	0.684122	0.421771	0.006629	-0.54767
AOA3B3IS20_rsdYKVVPISSDIAQNFYK_Y2_1	AOA3B3IS20	FOXP1	27086 forkhead box P1	Y441		YQVPRIRRYSDKYNNV	0.178163	0.263709	0.201866	0.100396	0.126448	0.085551	0.104132	0.21458	0.485283	0.360259	0.017221	-1.0431
AOA3B3IS20_rsdYKVVPISSDIAQNFYK_Y2_S1_1	AOA3B3IS20	FOXP1	27086 forkhead box P1	Y441.S442	50;50	YQVPRIRRYSDKYNNV_FQ	0.281367	0.263324	0.268749	0.18007	0.134465	0.14467	0.153068	0.275468	0.552979	0.765662	0.001252	-0.8457
AOA3B3IT7_gIGLITASHNPGGPNDFGK_T8_1	AOA3B3IT7	PGM1	5236 phosphoglucomutase 1	T115		HTGGIITLASHNPGG	0.145444	0.18901	0.167747	0.078921	0.123381	0.0959	0.103534	0.1674	0.618482	0.809959	0.017294	-0.6932
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	UHRF18P1L	23074 UHRF1 binding protein 1 like	5933.S935	49.72;49.72	NMSGDNRSSGMSLSL_MSI	0.249527	0.289909	0.20839	0.059446	0.093798	0.065986	0.073077	0.249275	0.293156	0.333711	0.002398	-1.77026
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5506		LATSESKSMFVLSGV	0.19123	0.217547	0.201445	0.106591	0.125275	0.148796	0.126888	0.203407	0.62381	0.564857	0.060652	-0.68082
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		KMPVLGSGVSVTKT	0.235102	0.175615	0.186795	0.103083	0.104618	0.153806	0.120502	0.199171	0.605021	0.908788	0.033425	-0.72494
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5528		SLPPKKEKSIKSGE	0.146992	0.233596	0.192488	0.041335	0.05978	0.034973	0.045363	0.191025	0.23747	0.162549	0.00505	-2.07418
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.199978	0.244117	0.191094	0.068923	0.113355	0.09567	0.092649	0.211729	0.437584	0.765811	0.004666	-1.19237
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5528		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029	0.08547	0.116075	0.092582	0.098043	0.216005	0.453891	0.91968	0.009082	-1.13958
AOJNW5_smsYVLPKLDPLFK_S1_S3_1	AOJNW5	SHTN1	57698 shootin 1	5512		SKRFRSFTFVISA	0.196688	0.230297	0.221029									

E7EW49_mVsqSQPGRS5_1	E7EW49	CLASP2	23122	cytoplasmic linker associated protein 2	5689	91.89	RTKMQSQQPGRS5G	0.277138	0.204134	0.274185	0.091647	0.134857	0.150714	0.12574	0.251819	0.499325	0.707346	0.013175	-1.00195
E7EW49_rsdDIDVNAAGAK_S3_1	E7EW49	CLASP2	23122	cytoplasmic linker associated protein 2	5604	100	GLGQRSDIDVNAAG	0.235825	0.206814	0.209729	0.101971	0.136495	0.180399	0.118835	0.217456	0.54648	0.921879	0.009112	-0.87176
E7EW49_s555SQSLNRPFFSK_S1_1	E7EW49	CLASP2	23122	cytoplasmic linker associated protein 2	5557	90.38	SLKLRSDS555SQSLN	0.251939	0.222222	0.227535	0.136219	0.17877	0.144519	0.153169	0.233895	0.654859	0.660786	0.007117	-0.61074
E7EW49_s555SQSLNRPFFSK_S2_1	E7EW49	CLASP2	23122	cytoplasmic linker associated protein 2	5561	99.37	SRDSS555SQSLNRP	0.21849	0.200236	0.195935	0.117509	0.152909	0.108108	0.126175	0.204887	0.615828	0.408861	0.006757	-0.6994
EPAN27_isQTSLVPPGSGSPQR_S1_1	EPAN27	RPS6KA1	6195	ribosomal protein S6 kinase protein 2	5326	85.75	RKQRFRISSQTSLVPP	0.238942	0.208608	0.187621	0.063018	0.128103	0.155412	0.115511	0.211857	0.545929	0.461416	0.037116	-0.87321
EP9C47_sciDRSPGAGLSGSPASQR_S1_1	EP9C47	LIMK1	3984	LIM domain kinase 1	5326	90.81	RQKVLRLRSCIDRSP	0.15739	0.121866	0.218911	0.111542	0.102623	0.107327	0.107644	0.196389	0.545627	0.034039	0.042833	-0.77379
EP9C47_sciDRSPGAGLSGSPASQR_S1_S3_1	EP9C47	LIMK1	3984	LIM domain kinase 1	5326.5328	50:50	RQKVLRLRSCIDRSP.KF	0.179706	0.21963	0.200973	0.129218	0.123218	0.115188	0.122542	0.200103	0.612392	0.20294	0.003165	-0.80747
EP9C47_sesLRVVCRPHR_S3_1	EP9C47	LIMK1	3984	LIM domain kinase 1	5323	92.66	KLDRGSESRLVVCRPH	0.204975	0.197994	0.146225	0.099075	0.083792	0.083474	0.08878	0.183064	0.484968	0.943313	0.008029	-1.04404
EP9C69_fSDQAQPAITSNsYsk_Y15_1	EP9C69	MARK2	2011	microtubule affinity regulating kinase 2	Y452	83.73	APDTSRSDSGLKQNSP	0.155239	0.180423	0.185656	0.098798	0.126278	0.118235	0.173773	0.380668	0.606038	0.141858	-0.55555	
EP9C69_fSDQAQPAITSNsYsk_S3_1	EP9C69	MARK2	2011	microtubule affinity regulating kinase 2	5409	100	NPKQRFSDQAQPAIT	0.204288	0.203397	0.21362	0.080473	0.106039	0.116252	0.100921	0.207102	0.487302	0.172525	0.000675	-1.03711
EP9C69_sTFHAGQLR_S1_T2_1	EP9C69	MARK2	2011	microtubule affinity regulating kinase 2	5594.T595	50:50	PRGVSRTSFHAGQL.RG	0.201344	0.242308	0.234346	0.109225	0.105548	0.116442	0.110405	0.225999	0.48852	0.122252	0.006069	-1.03351
EP9F82_qETVdLck_T3_1	EP9F82	CAMK2D	817	calcium/calmodulin dependent protein kinase II delta	T387	100	SMHRQETVdLCKPKF	0.11925	0.283646	0.178197	0.016694	0.071099	0.041736	0.043176	0.193698	0.222905	0.193151	0.04093	-2.1655
EP9F82_sLlckPDGK_V1_1	EP9F82	CAMK2D	817	calcium/calmodulin dependent protein kinase II delta	7219	100	RNFSAKLSLlckPDGK	0.223176	0.248848	0.248418	0.110236	0.086655	0.089077	0.095323	0.240147	0.396934	0.875623	0.000215	-1.33303
EP9FN4_vTRSGPDEAVDLGK_T3_S2_1	EP9FN4	SLC4A7	9497	solute carrier family 4 member 7	T18.S19	50:50	PLLLTRVTRSGPDEE.PL	0.184801	0.195716	0.158877	0.127549	0.144577	0.09087	0.120998	0.179798	0.672969	0.644361	0.037843	-0.57139
EP9GK7_sNsLfk_S3_1	EP9GK7	TRPM2	7226	transient receptor potential cation channel subfamily M	S38	95.9	SNLRNSNSLfkS3R	0.149735	0.164845	0.165691	0.100882	0.134431	0.103256	0.112857	0.160091	0.704955	0.373924	0.016957	-0.5044
EP9N17_aGPVSPGvK_S5_1	EP9N17	PARP10	84875	poly (ADP-ribose) polymerase family member 10	5443	100	LEKAGVSPGvK	0.169946	0.191797	0.160922	0.093888	0.124002	0.137839	0.118576	0.174222	0.680606	0.665822	0.024828	-0.55511
EP9PY8_aTAPQTHVPMR_S10_1	EP9PY8	EEF1D	1936	eukaryotic translation elongation factor 1 delta	5549	100	QKQTHVPMRQVPLA	0.148192	0.183999	0.207092	0.092205	0.104243	0.082369	0.092939	0.197971	0.517015	0.239856	0.008498	-0.95172
EP9S24_qfCEGQPHVLEALSPQTSGLSPsR_S23_S25_1	EP9S24	MAF1	84232	RNA methyl, negative regulator of RNA polymerase II	5688.570	49:73:49:73	PQTSGLSFSPSLRCS.QT	0.185481	0.271292	0.202919	0.083163	0.129245	0.115074	0.109161	0.219879	0.496416	0.462223	0.019924	-1.01038
F22ZW7_vEHNGPTGLVGHsPPAQTGPPDNTLQETGTFPS: F22ZW7	F22ZW7	TRMT2A	27037	trRNA methyltransferase 2 homolog A	5620	95.29	TRMT2A	0.148342	0.195618	0.171709	0.078068	0.121164	0.127118	0.108783	0.17189	0.632866	0.876733	0.037628	-0.66003
F22ZW7_vEHNGPTGLVGHsPPAQTGPPDNTLQETGTFPS: F22ZW7	F22ZW7	TRMT2A	27037	trRNA methyltransferase 2 homolog A	7626	79.79	FRSPPAQTGPPDNT	0.165371	0.181238	0.164281	0.089323	0.126339	0.139269	0.11831	0.170297	0.694731	0.236425	0.031029	-0.52547
F5H269_sLALVAHTGLVPHQDPHHVHR_S1_1	F5H269	DMXL1	1657	Dmx like 1	T324	100	HBBRDRSGLVPHQDP	0.197372	0.2254	0.197043	0.137827	0.142177	0.146446	0.206605	0.708821	0.655879	0.006307	-0.49651	
F5H527_KNISHHELLER_S3_1	F5H527	SSH2	85464	slingshot protein phosphatase 2	S811	100	CRTPKNSHHELLER	0.197003	0.205914	0.160281	0.124185	0.145575	0.122478	0.130746	0.187733	0.696449	0.44132	0.027009	-0.52191
F5H527_sISESLFK_V1_1	F5H527	SSH2	85464	slingshot protein phosphatase 2	S811	99.45	ECRTPKNSHISESLFK	0.189961	0.21185	0.164188	0.116455	0.123003	0.089318	0.109592	0.186666	0.580877	0.71833	0.010064	-0.78369
F8VU11_eLQQAELNRPsgFGfK_S11_1	F8VU11	PRPF40B	25766	pre-mRNA processing factor 40 homolog B	5853	100	QAEELNRPsgFGfK	0.17387	0.315314	0.268582	0.083252	0.122515	0.104971	0.103579	0.252589	0.41007	0.138648	0.025936	-1.28606
F8VU79_rtsLFANR_S3_1	F8VU79	AGAP2	116986	ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain	5648	94.72	RAAKRRRTSLFANR.RA	0.335878	0.3126	0.23665	0.057974	0.088261	0.061757	0.095323	0.295403	0.234985	0.18371	0.009299	-0.89396
F8VU79_rtsLFANR_T2_S3_1	F8VU79	AGAP2	116986	ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain	7647.5648	50:50	RAAKRRRTSLFANR.RA	0.253014	0.28169	0.169271	0.047818	0.087967	0.062398	0.066061	0.234658	0.281521	0.215964	0.009161	-1.82869
F8W7E0_sLTPAVPVSXPKDPKPSGK_S1_1	F8W7E0	CAST	831	calpastatin	T149	91.38	DKLREKRSLSLTPAVP	0.147427	0.19186	0.141747	0.091016	0.111598	0.074803	0.092472	0.16946	0.545686	0.30877	0.046809	-0.87386
G1UD79_sLHLLSFPNR_S7_S8_1	G1UD79	FAM122B	159090	family with sequence similarity 122B	563.564	50:50	SLHLLSFPNRIPS.HS	0.200408	0.187072	0.292881	0.10094	0.108299	0.14257	0.11727	0.226787	0.517092	0.258817	0.037244	-0.95151
G3V1A6_eSGSRFLPGATcLQEGEQGHsQk_S3_S23_2	G3V1A6	GSDMD	79792	gasdermin D	5229.S249	98:96:99:99	RTHKRRSGSRFLPG.GE	0.131168	0.137959	0.154172	0.085999	0.071164	0.085962	0.080875	0.140912	0.573938	0.666636	0.00204	-0.80103
G3V4K3_rTGSFQSLSDALDTPAK_S5_1	G3V4K3	VIPAS39	63894	VPS33B interacting protein, apical-basolateral polarity re	5147	99.97	RSFTRPQSGFQSLSDA	0.227351	0.309296	0.224519	0.053286	0.094699	0.081457	0.07648	0.253722	0.301434	0.323489	0.006293	-1.73009
G3V4K3_rTGSFQSLSDALDTPAK_T1_S5_S8_1	G3V4K3	VIPAS39	63894	VPS33B interacting protein, apical-basolateral polarity re	5147.S147.S150	33:17:33:17:33:17	SFTFRPQSGFQSLSDA.RGI	0.227351	0.309296	0.224519	0.053286	0.094699	0.081457	0.07648	0.253722	0.301434	0.323489	0.006293	-1.73009
G3V5R9_sAsLNVLVGGK_S2_S3_1	G3V5R9	KLC1	3831	kinesin light chain 1	5590.S591	50:50	NGMKRASSLNVLVGG	0.234441	0.223624	0.227758	0.097909	0.14247	0.128205	0.122861	0.228874	0.538218	0.08963	0.01428	-0.89374
G3V5R9_sAsLNVLVGGK_S3_1	G3V5R9	KLC1	3831	kinesin light chain 1	5591	95.36	PGMKRASSLNVLVGG	0.187856	0.211772	0.179211	0.099173	0.136754	0.113416	0.116448	0.192946	0.603524	0.882893	0.006431	-0.72852
G3V5R9_rAsLNVLVGGK_S4_S1_1	G3V5R9	KLC1	3831	kinesin light chain 1	5590.S591	50:50	NGMKRASSLNVLVGG	0.228211	0.21425	0.21378	0.094056	0.139282	0.137003	0.123447	0.218475	0.564337	0.187684	0.00351	-0.82537
G3V5R9_rAsLNVLVGGK_S4_S1_1	G3V5R9	KLC1	3831	kinesin light chain 1	5591	94.61	PGMKRASSLNVLVGG	0.196462	0.186831	0.194161	0.087035	0.124386	0.120851	0.110757	0.192875	0.575407	0.112306	0.002626	-0.79735
G3V5R9_rESLNVLVGGK_S4_S1_1	G3V5R9	KLC1	3831	kinesin light chain 1	5521	100	ENMKRRSRLSLNVGG	0.168137	0.191614	0.194365	0.128664	0.11859	0.101865	0.116373	0.184705	0.630046	0.937324	0.003917	-0.66647
G5E9G6_kRSEsPPAELPSLR_S1_1	G5E9G6	TRIP12	9320	thyroid hormone receptor interactor 12	S354	99.2	STMKRRSEsPPAELPS	0.159098	0.180091	0.172816	0.092349	0.145105	0.115268	0.117574	0.170668	0.688903	0.279382	0.032146	-0.53763
G5E9G6_rSEsPPAELPSLR_S4_1	G5E9G6	TRIP12	9320	thyroid hormone receptor interactor 12	S354	99.99	STMKRRSEsPPAELPS	0.150156	0.17155	0.166851	0.077979	0.113271	0.083955	0.091375	0.162853	0.5663	0.523253	0.00498	-0.82802
G9CGD6_KNSKSPSVEINSI_S2_S4_S5_1	G9CGD6	CKN3/IPCEF1	5889.5891.5892	CKN3/IPCEF1 fusion protein	5796.T797	33:32:33:32:33:32	TPQLKNSKSPSVEINSI	0.193131	0.217198	0.243378	0.135558	0.13034	0.158514	0.104178	0.239227	0.591398	0.203128	0.022741	-0.7578
G9CGD6_sLEQAQSLGDRRSPK_T16_T17_1	G9CGD6	CKN3/IPCEF1	5889.5891.5892	CKN3/IPCEF1 fusion protein	5796.T797	50:50	PLGDRRSPKTKKRL.LGI	0.189055	0.184674	0.169349	0.123519	0.129156	0.112505	0.127112	0.180126	0.672428	0.802337	0.001645	-0.57255
HOY4E8_rASGDQSGSGKVsR_S12_1	HOY4E8	SIK3	23387	SIK family protein 3	5545	100	PLGDRRSPKTKKRL.LGI	0.193131	0.217198	0.243378	0.135558	0.13034	0.158514	0.104178	0.239227	0.591398	0.203128	0.022741	-0.7578
HOY6H0_KaFDHSDPLSR_S3_1	HOY6H0	KDM1B	221656	lysine demethylase 1B	513	100	QSTKRRKASDFRSDG	0.191162	0.185782	0.201733	0.126094	0.119488	0.113887	0.119823	0.192892	0.621191	0.732678	0.001239	-0.68889
HOY6A9_gDGOQSGSGKVsR_S12_1	HOY6A9	HNRNPD	3184	heteronucleolar ribonucleoprotein D	5198	100	GSYGVKRRGDRSHPQN	0.112383	0.130287	0.115814	0.0512	0.070538	0.07965	0.068744	0.132828	0.515737	0.661396	0.0144	-0.95027
HOYD70_rQGSVDYDPWK_S1_1	HOYD70	REPS1	85021	RALBP1 associated Eps domain containing 1	5258	90.19	AIETLRQGSVDYDPWK	0.17628	0.20997	0.206347	0.088604	0.147422	0.085685	0.107327	0.197532	0.542883	0.439822	0.016598	-0.88129
HOYD70_rTGSDDHNPISPLLVKPSDLLEENK_T2_1	HOYD70	REPS1	85021	RALBP1 associated Eps domain containing 1	7432	74.46	QTELRQGSVDYDPWK	0.250034	0.25004	0.265348	0.168416	0.135752	0.141847	0.148671	0.250147	0.582704	0.411487	0.006096	-0.77917
H3BMD8_eLTAAPDKTEVTGDHIPPQDLQRKPsLVASK_H3BMD8	H3BMD8	ARPP19	10776	CaM regulated phosphoprotein 19	5123	97.89	DLTKQRKPsLVASKL	0.241882	0.261903	0.237647	0.062718	0.118441	0.080458	0.087205	0.247144	0.352853	0.343158	0.004897	-1.50286
H7C1N3_BETLSIHEV_K1_1	H7C1N3	KES1	10282	BET1/gol vesicular membrane trafficking protein	563	99.99	SKVTAIHEV_K1_1	0.22657	0.173829	0.164564	0.067812	0.105207	0.143112	0.108977	0.188231	0.578676	0.968663	0.041986	-0.78917
H8Y6P7_vSQAEQTSFDFNDFIDR_S3_1	H8Y6P7	GCOM1	145781	GRINL1A complex locus 1	5576	93.49	HPRHVRSQAEQTSFDF	0.190337	0.176902	0.187606	0.111275	0.133419	0.115171	0.119955	0.184948	0.648588	0.530256	0.001226	-0.62463

000273_sISAskAsPPGDQLNPK_S8_1	000273	DFFA	1676 DNA fragmentation factor subunit alpha	S315	99.93	SISASKASPPGDLQN	0.153085	0.193569	0.184025	0.076783	0.129464	0.129925	0.112057	0.176893	0.633475	0.648565	0.039096	-0.65864
000400_rPNGFShSLDMk_S8_1	000400	SLC33A1	9197 solute carrier family 3 member 1	S22	98.96	RFNGFShSLDMKSG	0.155003	0.141258	0.168905	0.103198	0.088782	0.099329	0.097103	0.155055	0.626246	0.451202	0.003079	-0.6752
000443_nLVNQLPK_S0_1	000443	PIK3C2A	5286 phosphatidylinositol-4-phosphate 3-kinase catalytic subunit	S259	100	KVSNLQVSPKSEDIS	0.180942	0.20416	0.196585	0.109532	0.162819	0.134809	0.13572	0.193896	0.699965	0.329617	0.025942	-0.51465
000499_nVHEPAGVATGATLPKSPQLR_S20_S22_1	000499	BIN1	274 bridging integrator 1	S331.S333	50,50	PATLTKPSPQLRKG_AT	0.197262	0.201251	0.200494	0.145523	0.127576	0.158593	0.143897	0.199789	0.720246	0.029768	0.023509	-0.47344
000559_iEGGNVATQQLNLEQLPEYVFK_S14_1	000559	EBAG9	9166 estrogen receptor binding site associated, antigen, 9	S86	98.37	NVALTKPSPQLRPPD	0.121442	0.174781	0.145548	0.074192	0.085456	0.066856	0.075501	0.142752	0.512718	0.219117	0.011776	-0.96376
000559_kLsgDQJLTPTVYDVSVPK_T8_1	000559	EBAG9	9166 estrogen receptor binding site associated, antigen, 9	S86	98.59	KLSGDDQJLTPTVYD	0.13765	0.198661	0.167532	0.095364	0.125555	0.096029	0.105649	0.167948	0.629062	0.484172	0.03696	-0.66873
000567_sfKELMSSDLEETAGSTSIPK_S1_1	000567	NOP56	10528 NOP56 ribonucleoprotein	T41	87.45	SPFK8KLEMSDLEET	0.152944	0.188167	0.16488	0.110224	0.142008	0.127868	0.1267	0.168664	0.7512	0.882824	0.03866	-0.41273
000567_sFskELMSSDLEETAGSTSIPK_S13_1	000567	NOP56	10528 NOP56 ribonucleoprotein	S511.S513	41.17,41.17	SPFK8KLEMSDLEET	0.165633	0.204188	0.173448	0.116648	0.149861	0.13903	0.13518	0.18109	0.74648	0.817021	0.039919	-0.42183
000567_sFskELMSSDLEETAGSTSIPK_T15_1	000567	NOP56	10528 NOP56 ribonucleoprotein	T525	68.02	MSSDLEETAGSTSIP	0.177672	0.200019	0.173075	0.126923	0.145508	0.139599	0.137463	0.183589	0.748758	0.609333	0.009866	-0.41743
014523_eAGLSQSHDLSNATATPSVR_S5_1	014523	C2CD2L	9854 C2CD2 like	S660	89.82	RQKAEGLSQSHDLS	0.159139	0.175306	0.16961	0.126611	0.123446	0.089313	0.113124	0.168019	0.673282	0.271278	0.012913	-0.57072
014545_aLPSLNTGSSPR_S11_1	014545	TRAFD1	10906 TRAF-type zinc finger domain containing 1	S327	99.55	SLNTGSSPR_S11	0.175669	0.175162	0.149678	0.052321	0.10874	0.079272	0.080408	0.166836	0.481955	0.444989	0.008963	-0.50303
014545_sTSPRPPGQPSSPCVPK_T2_S3_1	014545	TRAFD1	10906 TRAF-type zinc finger domain containing 1	T469.S470	47.75,47.75	YQLSRSTSPRPPGQ	0.155807	0.19668	0.139258	0.121225	0.093499	0.098146	0.10429	0.163915	0.636245	0.403057	0.035453	-0.65235
014578_rVSEVAIVLQK_S3_1	014578	CIT	11113 citron rho-interacting serine/threonine kinase	S480	100	TRLRHRVSEVAIVLS	0.16462	0.229795	0.222665	0.102568	0.112002	0.121552	0.112041	0.205694	0.544697	0.131717	0.011823	-0.87647
014617_nTETSKEPKDVPVMEK_T4_S5_S7_1	014617	AP3D1	8943 adaptor related protein complex 3 delta 1 subunit	T826.S827.S829	32.03,32.03,32.03	QKRRNTETSKEPKED	0.129193	0.158889	0.141395	0.077555	0.102133	0.101535	0.093741	0.143159	0.654802	0.93749	0.013922	-0.61087
014647_lKEHGIELSPR_S10_S11_1	014647	CHD2	1106 chromodomain helicase DNA binding protein 2	S1364.S1365	50,50	EHGIELSPRSHSDN	0.200414	0.190684	0.211112	0.13184	0.13132	0.112692	0.125284	0.200737	0.624121	0.934751	0.000943	-0.6801
014828_dGNGFAEPSELDNPFQDPVAVHQHRSR_S27_1	014828	SCAMP3	10067 secretory carrier membrane protein 3	S32	100	AVIQHRPSRQVATLD	0.192345	0.164475	0.241458	0.060408	0.070353	0.053702	0.061488	0.199426	0.308323	0.088326	0.0039	-1.69749
014828_nYGSYTQASAAAATAEILK_S4_1	014828	SCAMP3	10067 secretory carrier membrane protein 3	S85	76.74	YVIRGNSYFPVTPQSA	0.209129	0.233702	0.241166	0.108626	0.116416	0.093428	0.106157	0.227994	0.465601	0.654516	0.000496	-1.0283
014828_nYGSYTQASAAAATAEILK_S4_T7_1	014828	SCAMP3	10067 secretory carrier membrane protein 3	S85.T88	48.05,48.05	TEPRNYSYSTQASA	0.221154	0.19945	0.232549	0.118672	0.112545	0.13746	0.128892	0.217861	0.564085	0.744417	0.001508	-0.82602
014908_sAGGRPGSGQLGTGR_S3_1	014908	GIPC1	10755 GIPC PDZ domain containing family member 1	S225	99.85	FDMISRQSGAGRPGS	0.142182	0.180665	0.219573	0.08695	0.067238	0.099745	0.046455	0.181483	0.466404	0.316703	0.015076	-1.10305
014974_kTGSYGALAEITASK_T2_1	014974	PPP1R12A	4659 protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	T443	99.85	WRLGLRRTGSYGALA	0.230055	0.256597	0.176018	0.078109	0.114898	0.091287	0.094765	0.20289	0.429014	0.341667	0.008375	-1.2209
014974_rLAsTSDIEK_S4_T5_1	014974	PPP1R12A	4659 protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	S507.T508	48.66,48.66	T233729	0.221557	0.168233	0.073866	0.157072	0.102436	0.110964	0.20784	0.533894	0.803958	0.038885	-0.90537	
014974_rLAsTSDIEK_S4_1	014974	PPP1R12A	4659 protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	S507	83.04	T1PRLLAsTSDIEEK	0.285813	0.197886	0.237091	0.130859	0.101659	0.128378	0.120299	0.234263	0.513518	0.157075	0.023572	-0.96151
014974_rLAsTSDIEK_S6_1	014974	PPP1R12A	4659 protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	S509	99.49	PRLLAsTSDIEKEN	0.187175	0.218121	0.136112	0.072746	0.119203	0.078207	0.090052	0.180469	0.498988	0.546445	0.032165	-1.00292
014974_tGSYGALAEITASK_S3_1	014974	PPP1R12A	4659 protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	T445	91.04	LGLRRTGSYGALAEI	0.236608	0.205181	0.16376	0.045025	0.094939	0.071343	0.070436	0.20185	0.34895	0.636865	0.006776	-1.51891
014974_tGSYGALAEITASK_T1_1	014974	PPP1R12A	4659 protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	S443	87.99	WRLGLRRTGSYGALA	0.206843	0.216043	0.151042	0.061122	0.10448	0.060967	0.067186	0.191309	0.351193	0.487702	0.012091	-1.50966
015014_aPSTLDLVK_S3_1	015014	ZN609	23600 zinc finger protein 609	S1055	92.67	PLTKAPSTLDLVK	0.245623	0.245678	0.230924	0.097458	0.139538	0.125016	0.12071	0.240741	0.501246	0.273252	0.008029	-0.99641
015014_lVEPHSPSPK_S6_1	015014	ZN609	23600 zinc finger protein 609	S576	99.92	VRLVEPHSPSPKSF	0.20553	0.238181	0.214063	0.162468	0.177898	0.149285	0.163621	0.219258	0.744406	0.833958	0.011926	-0.42584
015014_nMSGATGLPGTK_S3_1	015014	ZN609	23600 zinc finger protein 609	S467	99.99	SKRVNMSGATGLPG	0.206653	0.21668	0.207776	0.147262	0.154557	0.151817	0.151212	0.215036	0.703192	0.467008	0.011327	-0.50801
015037_lHNGNASPRVPSPPAPEPWHHCGRD_S07_S12_1	015037	KHNYN	23351 KH and NYN domain containing	S353.S359	100,100	RLHNGNASPRVPSPP	0.172356	0.193141	0.184535	0.126152	0.123222	0.077976	0.191177	0.183344	0.951548	0.260035	0.011335	-0.74968
015042_nMLEIKELK_S1_1	015042	UZSURP	23350 UZ snRNP associated SURP domain containing	S202	100	GEKPKYKSNLEIKPE	0.195988	0.212214	0.234551	0.114716	0.15434	0.065542	0.111533	0.214251	0.520569	0.318543	0.012444	-0.94184
015047_rRCSSTAAVAGTAVGTGNGTSCQDTSFSSR_S0_1	015047	SETD1A	9739 SET domain containing 1	S221.S222	43.07,43.07	AEKRRSSSTAAVAGT	0.141443	0.17567	0.152857	0.123264	0.10674	0.100657	0.11022	0.156789	0.703579	0.621301	0.018587	-0.50722
015085_sSQSFTHHLPVVEVKGPNVR_S1_S12_2	015085	ARHGFE11	9826 Rho guanine nucleotide exchange factor 11	S545.S556	57.96,99.99	KYIKPKPSSSQTFTH	0.15901	0.201307	0.263911	0.162891	0.141938	0.131006	0.114524	0.221409	0.656152	0.324377	0.030571	-0.6079
015085_sSQSFTHHLPVVEVKGPNVR_S2_S3_S5_S12_2	015085	ARHGFE11	9826 Rho guanine nucleotide exchange factor 11	S545.S547.S549.T5	24.09,24.09,24.09,24.09,24.09,24.09	YIPRKRKSSSQTFTHI	0.199409	0.201132	0.196436	0.125883	0.127968	0.095475	0.146278	0.184325	0.634013	0.682619	0.019269	-0.66286
015126_nVPPGLDEYVFPDSRTPPPGGLHTL_T1_1	015126	SCAMP1	9522 secretory carrier membrane protein 1	T45	50	NPVGLDRTPPPGGLH	0.150439	0.17069	0.170352	0.082366	0.118151	0.123286	0.107934	0.202126	0.658883	0.425923	0.018258	-0.60202
015126_rKDDAPYVPPPTAAASAPAGDLSNGLHDTR_S18_1	015126	ZBTB7B	51043 zinc finger and BTB domain containing 7B	S480	80	PFSTAAASAPAGDLS	0.26886	0.223643	0.26207	0.147726	0.166927	0.148894	0.154515	0.250924	0.615785	0.334641	0.011959	-0.6995
015164_sEWLDPKSPHLHVGTR_S10_1	015164	TRIM24	8805 tripartite motif containing 24	S811	100	WLDPSKSPHLHVGTR	0.199849	0.202522	0.206105	0.110303	0.118975	0.141696	0.123658	0.202826	0.609677	0.072276	0.011149	-0.71388
015164_sEWLDPKSPHLHVGTR_S7_1	015164	TRIM24	8805 tripartite motif containing 24	S808	90.3	KSEWLDPSKSPHLH	0.196475	0.207219	0.212103	0.119578	0.145585	0.139794	0.134896	0.214021	0.630712	0.409711	0.008866	-0.66495
015226_sGEGIRPISVK_S1_1	015226	NKRF	55922 NFKB repressing factor	S572	100	TGGGLSAGEGIRP	0.194376	0.176708	0.182884	0.062457	0.103115	0.079449	0.081674	0.184643	0.442333	0.321966	0.010324	-1.17679
015355_kLEEVLTGFEAENGSDK_S7_1	015355	PPM1G	5496 protein phosphatase, Mg2+/Mn2+ dependent 1G	S527	90.48	RKLVEEVLTGFEAENG	0.173477	0.201249	0.169794	0.094131	0.11402	0.069024	0.092391	0.191357	0.508773	0.732086	0.005485	-0.97491
015553_kSPGSLPQPLPCK_S7_1	015553	MEFV	4210 Mediterranean fever	S368	99.96	KSPGSLPQPLPCK	0.174091	0.213361	0.177002	0.123647	0.132675	0.133032	0.129785	0.188152	0.689788	0.115528	0.010909	-0.53578
015553_sLEVITISGK_S1_T5_1	015553	MEFV	4210 Mediterranean fever	S242.T246	50,50	SGMVRISLEVITISG	0.174973	0.166342	0.115589	0.117355	0.108704	0.091552	0.10587	0.164301	0.644366	0.898562	0.046062	-0.63405
015553_rSYPALGGR_S3_1	015553	MEFV	4210 Mediterranean fever	S179	99.93	QKGRSYPALGGR	0.174134	0.209991	0.178219	0.089481	0.120538	0.100507	0.103509	0.174115	0.594846	0.127828	0.001678	-0.75029
043149_tSVVEEHFQASVSPTEAAPATGDQSPGLGTQPK_T1_043149	043149	ZNF21	23140 zinc finger ZZ-type and EF-hand domain containing 1	T1462.S1463.S1464	33.28,33.28,33.28	LSVVEEHFQASVSPTE	0.199318	0.161994	0.252173	0.151982	0.146199	0.149507	0.149229	0.207071	0.720873	0.606196	0.030722	-0.47218
043164_kLUSQVDQETGFRNHAK_S4_S5_S6_1	043164	PIA2	9867 praja rin finger ubiquitin ligase 2	S323.S324.S325	33.32,33.32,33.32	KLUSQVDQETGFRNH	0.19645	0.185618	0.142705	0.098486	0.101596	0.073374	0.088152	0.175991	0.500889	0.370991	0.009821	-0.99744
043353_rSPLNLLQK_S1_S3_1	043353	RIPK2	8767 receptor interacting serine/threonine kinase 2	S529.S53														

O60664_eLVSSkvsGAQEMVSSAK_S8_1	O60664	PLIN3	10226 perlipin 3	5130		97.72	ELVSSkvsGAQEMVSS	0.228348	0.239112	0.181147	0.075696	0.085456	0.109596	0.090249	0.216202	0.417431	0.485254	0.00353	-1.26039
O60861_rYVVNTTNETTWERPSSGGIPAsPGSHR_S25_1	O60861	GA57	8522 growth arrest specific 7	5117		97.66	SSPGIPAsPGSHRS	0.280814	0.203077	0.190299	0.157212	0.157797	0.139008	0.151339	0.200663	0.754946	0.845487	0.003763	-0.40555
O60934_iPnyQLSPTKLPSiNK_S7_1	O60934	NBN	8484 nibrin	5432		97.66	RIPNYQLSPTKLPSiNK	0.169039	0.206957	0.152241	0.093888	0.137767	0.122572	0.118707	0.176079	0.670584	0.77451	0.048527	-0.57651
O75044_hNGIDGLPQHVIVQDTEGdVVERSpk_S26_S27_1	O75044	SRGAP2	23380 SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2	5795.5796	50:50		EDGdVVERSpkSRIE_DG	0.187728	0.234772	0.206446	0.128496	0.146128	0.072179	0.115601	0.209649	0.551404	0.546541	0.022854	-0.85882
O75044_sFNNHRMPDPEVIAQDIEATnMSALNELR_S1_1	O75044	SRGAP2	23380 SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2	5795.5796			0.183115	0.236266	0.206155	0.084324	0.109156	0.067419	0.086966	0.208612	0.41708	0.765722	0.00342	-1.2616	
O75044_ksFNNHRMPDPEVIAQDIEATnMSALNELR_S3_1	O75044	SRGAP2	23380 SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2	5930			0.193012	0.243431	0.237575	0.076804	0.099511	0.082029	0.086114	0.258301	0.333388	0.051331	0.015896	-1.58473	
O75113_nKAgPVElTK_T5_1	O75113	N4BP1	9685 NEDA-binding protein 1	7242		98.65	EARKnAgPVElTK	0.217445	0.196353	0.334766	0.166144	0.16102	0.160429	0.162531	0.216188	0.751805	0.05199	0.008500	-0.41157
O75113_qfsLENVQEGLHDAK_S3_1	O75113	N4BP1	9683 NEDA binding protein 1	5100			0.209104	0.185653	0.20131	0.115081	0.113975	0.106565	0.111873	0.198689	0.560308	0.261385	0.003001	-0.82864	
O75151_rPsASPPNNTAAK_S3_1	O75151	PHF2	5253 PHD finger protein 2	51056		89	FLTQRPsASPPNNTAAK	0.174262	0.1944	0.287133	0.099009	0.14378	0.091746	0.111512	0.218597	0.501024	0.359488	0.049289	-0.97108
O75152_dSLVLPPTQSSSDsPPEVSGPSSQMSMk_S12_S15_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5735.5738	42.94;42.94		LPTTQSSSDsPPEVSG	0.174306	0.179415	0.191973	0.138243	0.138302	0.135887	0.137477	0.181898	0.755794	0.044876	0.021209	-0.40394
O75152_dSLVLPPTQSSSDsPPEVSGPSSQMSMk_S14_S15_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5737.5738	49.63;49.63		PTQSSSDsPPEVSG	0.144666	0.167629	0.169753	0.087613	0.101046	0.13276	0.10714	0.161347	0.664703	0.465252	0.023845	-0.59067
O75152_dSLVLPPTQSSSDsPPEVSGPSSQMSMk_S15_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5738		74.06	TQSSSDsPPEVSGP	0.134617	0.167065	0.150509	0.094883	0.094007	0.10007	0.09632	0.15073	0.639022	0.078374	0.004701	-0.64606
O75152_kfSAGGDSDPPLK_S3_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5290			0.195801	0.290945	0.217147	0.062521	0.085001	0.043296	0.063606	0.234631	0.271089	0.297611	0.005419	-1.88316	
O75152_kfSAGGDSDPPLK_S3_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5290		99.72	RLGKRKkSAGGDSDP	0.26226	0.283409	0.230322	0.081382	0.090252	0.066585	0.079407	0.258663	0.306988	0.33536	0.00448	-1.70375
O75152_kfSAGGDSDPPLK_S3_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	7321			0.243716	0.190739	0.22709	0.164531	0.132311	0.118261	0.138367	0.220515	0.627475	0.867892	0.060808	-0.67237	
O75152_kfSAGGDSDPPLK_S3_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5290		86.02	MKTRRLSLASATGKSP	0.239672	0.265291	0.291099	0.097891	0.160112	0.109307	0.122437	0.265354	0.461409	0.752058	0.004412	-1.15588
O75152_kfSAGGDSDPPLK_S3_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5759		99.46	RLGKRKkSAGGDSDP	0.198649	0.17706	0.17407	0.049679	0.083376	0.086842	0.073299	0.183236	0.399974	0.598253	0.001481	-1.32202
O75152_kfSAGGDSDPPLK_S3_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5758			0.210243	0.278593	0.179853	0.060136	0.107422	0.053085	0.073548	0.228896	0.329964	0.50898	0.001154	-1.59962	
O75152_rLSAsTgkPPLSvEDDFEK_S13_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5768		84.48	SMKTRrLSAsTgkP	0.225745	0.274219	0.216033	0.077864	0.124561	0.064565	0.085987	0.238666	0.372894	0.989192	0.02462	-1.42316
O75152_rLSAsTgkPPLSvEDDFEK_S3_1	O75152	ZC3H11A	9877 zinc finger CCH-type containing 11A	5758		97.71	SKSVrASrPPLSvE	0.17462	0.246065	0.200897	0.087201	0.150607	0.095437	0.111802	0.207194	0.536125	0.953018	0.29022	-0.89936
O75179_apsPAPSvPLGSEKSPNVDQR_S3_1	O75179	ANKRD17	26057 ankryin repeat domain 17	5407		100	AEANKrASrLLELED	0.198231	0.194902	0.187995	0.059204	0.101357	0.089514	0.083358	0.19371	0.440326	0.109605	0.00128	-1.2165
O75179_nAaLLEIDLEK_S3_1	O75179	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	5253		97.71	SVSRGrSfADrPAsP	0.171175	0.194186	0.173647	0.077513	0.143254	0.085223	0.101997	0.179669	0.567693	0.219944	0.021493	-0.81682
O75376_gHfADrPAsNLGLEIDIRK_S3_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	5253		92.78	GKHSrASfPISGQPc	0.211497	0.225494	0.26106	0.125788	0.147744	0.137678	0.236284	0.591699	0.91762	0.065967	-0.75708	
O75376_hEAPSPISGQPcGDONAsPcS6_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	5253		90.52	LQTESKrPFWVQST	0.173683	0.15333	0.212674	0.125857	0.102051	0.098238	0.108715	0.197896	0.604323	0.395315	0.02154	-0.72661
O75376_krPEVADrSRRIHESIGSQGkPFDNNSGQASi_T2_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	5224		100	PPEKSPFWVQST	0.170348	0.205311	0.207857	0.125788	0.15018	0.121469	0.132479	0.194505	0.681107	0.705949	0.01477	-0.55405
O75376_krPEVADrSRRIHESIGSQGkPFDNNSGQASi_T2_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	570		100	QLKRRrPFLLESEFP	0.197993	0.256619	0.281106	0.099215	0.129932	0.080387	0.103178	0.245239	0.420774	0.51069	0.00763	-1.24906
O75376_rRPsLSEFHGSDrPQER_S4_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	570		98.36	QLKRRrPFLLESEFP	0.200414	0.214163	0.215967	0.139536	0.141663	0.132821	0.138261	0.21009	0.656892	0.442708	0.00622	-0.60627
O75376_rRPsLSEFHGSDrPQER_S4_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	570		100	PEYrPISFPQVSYV	0.177439	0.228206	0.244381	0.156669	0.158869	0.133978	0.149839	0.216676	0.691535	0.269352	0.02682	-0.53213
O75376_rRPsLSEFHGSDrPQER_S4_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	52184		99.23	EQrNDrSfPISGQV	0.218658	0.199391	0.221666	0.107999	0.139659	0.096472	0.117412	0.213238	0.452144	0.036622	0.03622	-0.89447
O75376_sPGISVLPsFFTK_S4_1	O75376	NCOR1	9611 nuclear receptor corepressor 1	52184		100	IEPrNRLrDPLDSEV	0.225424	0.17	0.332365	0.109875	0.17201	0.120567	0.134151	0.278643	0.481443	0.556953	0.016462	-1.05456
O75385_nKsPTQFOTR_S4_1	O75385	ULK1	8408 unc-51 like autophagy activating kinase 1	5450		100	MRPrNRLrDPLDSEV	0.203584	0.37061	0.354312	0.094048	0.147621	0.076332	0.106001	0.309502	0.342487	0.975004	0.023798	-1.54588
O75385_nRtLPDLSEVrPFGHGLrPGLrGPEDPk_T3_1	O75385	ULK1	8408 unc-51 like autophagy activating kinase 1	7660			DKNrANrLSSrLKKYr_K	0.201661	0.170753	0.194763	0.128233	0.118738	0.129014	0.125328	0.189509	0.662905	0.221158	0.003032	-0.59313
O75396_aNnLSSk_S5_S6_1	O75396	SEC22B	9554 SEC22 homolog B, vesicle trafficking protein	5174.5175	50:50	99.35	ANrANrLSSkLYrQDA	0.161683	0.146708	0.147068	0.094718	0.108941	0.101605	0.101755	0.158159	0.670235	0.81871	0.010457	-0.57726
O75396_aNnLSSk_S8_1	O75396	SEC22B	9554 SEC22 homolog B, vesicle trafficking protein	5177		100	CARNrLGSINrTELQD	0.144047	0.165952	0.165333	0.085881	0.113155	0.095308	0.098115	0.155511	0.63092	0.772465	0.00598	-0.66447
O75396_nLGSINrTELQVQR_S4_1	O75396	SEC22B	9554 SEC22 homolog B, vesicle trafficking protein	5137		100	CARNrLGSINrTELQD	0.176471	0.199914	0.181947	0.080711	0.112913	0.124279	0.105968	0.18611	0.569381	0.454962	0.006492	-0.81253
O75396_nLGSINrTELQVQR_S5_1	O75396	SEC22B	9554 SEC22 homolog B, vesicle trafficking protein	5137		99.91	PMrSRLSVrDPSrGL	0.246249	0.27595	0.279388	0.12705	0.138298	0.104948	0.123432	0.266862	0.462531	0.946883	0.003046	-1.11238
O75420_slvPDSGr_S3_1	O75420	G1YF1	64599 GRB10 interacting GYF protein 1	5638			ALrGLDAPrSRPpSfPc	0.374494	0.446008	0.393136	0.180111	0.209065	0.095373	0.161513	0.404362	0.399254	0.56552	0.008005	-1.32462
O75427_gSALGDAPrSRPpSfPcPAEDrLrPFGHR_S10_S14_S16	O75427	LRCH4	4034 leucine rich repeats and calponin homology domain cont: 5275.5279	99.95;87.41			ALrGLDAPrSRPpSfPc	0.376494	0.390727	0.329026	0.137066	0.212307	0.080621	0.143331	0.365416	0.392242	0.385985	0.006282	-1.35018
O75427_gSALGDAPrSRPpSfPcPAEDrLrPFGHR_S10_S14_S16	O75427	LRCH4	4034 leucine rich repeats and calponin homology domain cont: 5275.5279.5281	99.88;50.06;50.06		89.37	PSrPpSfPcPAEDrL	0.181669	0.304526	0.225482	0.074618	0.126285	0.083031	0.094645	0.237233	0.339893	0.306624	0.02719	-1.32571
O75427_gSALGDAPrSRPpSfPcPAEDrLrPFGHR_S16_1	O75427	LRCH4	4034 leucine rich repeats and calponin homology domain cont: 5281	5742		99.96	QSGrPpSfPcPAEDrL	0.175006	0.189438	0.152995	0.094486	0.135508	0.123808	0.117934	0.127646	0.683096	0.861845	0.027713	-1.54984
O75427_sSQSGrPpSfPcPAEDrLrPFGHR_S11_1	O75427	LRCH4	4034 leucine rich repeats and calponin homology domain cont: 5511	5742		86.73	FLrPpSfPcPAEDrL	0.214032	0.223715	0.170522	0.097525	0.117089	0.094785	0.103133	0.207556	0.508654	0.311271	0.00040	-0.97524
O75427_sSQSGrPpSfPcPAEDrLrPFGHR_S11_1	O75427	LRCH4	4034 leucine rich repeats and calponin homology domain cont: 5523	5742		93.84	KEGrNrvYSSrRvDDY	0.17135	0.201247	0.223238	0.080526	0.123404	0.073215	0.092382	0.200612	0.4605	0.83483	0.001682	-1.11873
O75494_nYvSSr_S4_1	O75494	SRSF10	10772 serine and arginine rich splicing factor 10	5106			KEGrNrvYSSrRvDDY	0.214452	0.187186	0.155341	0.083026	0.106155	0.089871	0.185646	0.484098	0.913322	0.124242	0.04663	-1.06633
O75494_nYvSSrYDvDvDR_S4_S5_1	O75494	SRSF10	10772 serine and arginine rich splicing factor 10	5105	45.39;45.39	90.52	AEGrNrvYSSrRvDDY	0.211077	0.219389	0.171208	0.10554	0.130822	0.062689	0.099684	0.200558	0.497031	0.717291	0.105316	-1.00859
O75494_nYvSSrYDvDvDR_Y3_1	O75494	SRSF10	10772 serine and arginine rich splicing factor 10	5105		100	GKErNrvYSSrRvDDY	0.211077	0.219389	0.171208	0.10554	0.130822	0.062689	0.099684	0.200558	0.497031	0.717291	0.105316	-1.00859
O75592_apsPHVYKINrLHSEVVECTsSTLk_S3_1	O75592	MYCBP2	23077 MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	52920		76.2	DEMrvLrSTvFvPvPv	0.178245	0.219174	0.234373	0.136381	0.113225	0.124095	0.124657	0.210058	0.591495	0.274767	0.006856	-0.75756
O75592_apsPHVYKINrLHSEVVECTsSTLk_S3_1	O75592	MYCBP2	23077 MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	53424		99.72	TVFrQrVrSvVvVvSE	0.193106	0.223679	0.177269	0.129071	0.162661	0.134598	0.14211	0.198018	0.717663	0.660442	0.031008	-0.47862
O75592_sTVSPvPvYVrPvDvASvNvVvPEESNmK_S1_1	O75592	MYCBP2	23077 MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	534															

O95835_sNFNNPLGNR_S3_1	O95835	LATS1	9113 large tumor suppressor kinase 1	5464	50:50	93.46	NIPVRSNSFNPLGN	0.17676	0.177297	0.209661	0.109335	0.160231	0.102265	0.123944	0.187906	0.659605	0.524005	0.039569	-0.60032
O95983_rVDSNSQVKS_S5_6	O95983	MBD3	53615 methyL-CpG binding domain protein 3	585,586			RQVRVYDSNSQVKGK_QR	0.160898	0.205565	0.214708	0.053943	0.094816	0.095631	0.081463	0.193723	0.420514	0.813313	0.006508	-1.24977
O96017_KFDLLSEENSTALPQVLAQPSIR_S23_1	O96017	CHEK2	11200 checkpoint kinase 2	5516		85.57	PQVLRAQPSIRKRRFR	0.248512	0.232756	0.244159	0.101378	0.093085	0.105813	0.100092	0.191409	0.413993	0.773388	1.9E-05	-1.27254
O96028_nRAsTAAASGAFKS_S4_T5_1	O96028	NSD2	7468 nuclear receptor binding SET domain protein 2	5604,7605	50:50		LKLRNRSATSSSAL_RKI	0.249277	0.209134	0.191114	0.093595	0.098571	0.099244	0.097137	0.216508	0.448652	0.02125	0.019216	-1.15633
P00338_dQLVNEKIQTPQNK_S1_S2_1	P00338	LDHA	3939 lactate dehydrogenase A	Y10			TLKQQLIYNLKEEQE	0.147632	0.192137	0.211483	0.082193	0.098487	0.094641	0.091774	0.183508	0.449447	0.12676	0.002947	-1.0016
P01584_dSQQKSLVMSGYPYELK_S6_1	P01584	IL1B	3553 interleukin 1 beta	S133			LRPQKSLVMSGYP	0.220354	0.197775	0.205185	0.126387	0.107905	0.101089	0.111294	0.207771	0.538061	0.872057	0.000675	-0.89416
P04792_IATQSNETIPVTFESR_T3_1	P04792	HSPB1	3315 heat shock protein family B	T174,5176	50:50		APMKPLATQSNETI_I_MFI	0.205555	0.202058	0.163389	0.111958	0.146482	0.144754	0.134398	0.190343	0.706116	0.817314	0.033412	-0.50202
P04792_IATQSNETIPVTFESR_T3_S5_1	P04792	HSPB1	3315 heat shock protein family B	S82		95.07	RALSRGLSSGSI	0.162404	0.189964	0.158962	0.08215	0.133229	0.111817	0.109605	0.170434	0.639893	0.610011	0.239332	-0.6441
P04792_vSLDYNHFAPDELTKV_S2_1	P04792	HSPB1	3315 heat shock protein family B	S98			TADRRVSLDYNHFA	0.169056	0.224941	0.220096	0.069714	0.148199	0.06785	0.092524	0.240698	0.465342	0.626177	0.026638	-1.10364
P04792_wRVSLDYNHFAPDELTKV_S4_1	P04792	HSPB1	3315 heat shock protein family B	S98			TADRRVSLDYNHFA	0.230637	0.199223	0.199853	0.134171	0.150813	0.134811	0.139932	0.209904	0.666646	0.432203	0.003941	-0.58501
P05187_hVPDSGATATAYLGVK_S5_1	P05187	ALPP	250 alkaline phosphatase, placental	S114			VDKHVPDSGATATAY	0.163487	0.159221	0.155428	0.094296	0.12477	0.108289	0.109119	0.159379	0.684649	0.130602	0.005268	-0.54656
P05187_hVPDSGATATAYLGVK_S5_T10_1	P05187	ALPP	250 alkaline phosphatase, placental	S114,1117,1119	33:32,33:32,33:32		VDKHVPDSGATATAY_HVI	0.144922	0.184724	0.146259	0.050116	0.087795	0.055252	0.064388	0.158635	0.405887	0.89938	0.005857	-1.30085
P05187_tvNDKHPVDSGATATAYLGVK_S11_1	P05187	ALPP	250 alkaline phosphatase, placental	S114			VDKHVPDSGATATAY	0.195696	0.16423	0.175569	0.125195	0.114523	0.157572	0.13243	0.178498	0.741913	0.671406	0.044074	-0.43068
P05204_IAsKAPPKPEPKK_S2_1	P05204	HMG2	3151 high mobility group nucleosomal binding domain 2	S29			KRRSARLSAKPAPPK	0.329595	0.273744	0.224861	0.085875	0.056371	0.050356	0.064201	0.276066	0.232556	0.23256	0.002758	-2.10435
P05412_nSDLLTSPDVLGK_S7_1	P05412	JUN	3725 Jun proto-oncogene, AP-1 transcription factor subunit	S63			KNSDLLTSPDVLGK	0.269599	0.300228	0.178424	0.073735	0.089782	0.058165	0.083894	0.249417	0.296268	0.117218	0.009622	-1.75503
P05455_sPKPLPEVDYK_S1_S3_1	P05455	SSB	6741 Sjogren syndrome antigen B	592,594	50:50		DKTKIRRSFPKLVFN_TK	0.114731	0.125284	0.116693	0.083739	0.097649	0.086482	0.08929	0.118903	0.750952	0.734446	0.005198	-0.41321
P06400_KSLDEEVIWPHVPVR_T15_1	P06400	RB1	5925 RB transcriptional corepressor 1	T373			VNVIPHTPVNATV	0.210477	0.192432	0.216008	0.149431	0.121675	0.144719	0.138608	0.206306	0.671859	0.815897	0.003711	-0.57377
P06400_vNsTANAEQATSAQTQKPLK_S3_1	P06400	RB1	5925 RB transcriptional corepressor 1	S624		90.66	GSTRVNSTANAEQ	0.216191	0.220125	0.17591	0.069946	0.095653	0.092797	0.086132	0.204075	0.422059	0.497948	0.019137	-1.24448
P06400_vNsTANAEQATSAQTQKPLK_S3_T4_1	P06400	RB1	5925 RB transcriptional corepressor 1	S624,7625	50:50		GSTRVNSTANAEQ_ST	0.19053	0.237032	0.199868	0.032612	0.05672	0.045974	0.045102	0.299667	0.21573	0.386273	0.000495	-2.2127
P06748_dELHIVEAAEMNYESGPIKVLATLK_S16_1	P06748	NPM1	4869 nucleophosmin	S70		77.24	EAMNYESGPIKVLTA	0.166521	0.203391	0.229835	0.134062	0.096607	0.084465	0.105045	0.190196	0.525444	0.75867	0.016002	-0.92839
P06748_dELHIVEAAEMNYESGPIKVLATLK_S16_T21_1	P06748	NPM1	4869 nucleophosmin	S70,775	39:71,39:71		EAMNYESGPIKVLTA	0.197279	0.205103	0.275847	0.170739	0.098839	0.093974	0.121184	0.226077	0.53603	0.993156	0.400603	-0.89961
P06748_dELHIVEAAEMNYESGPIKVLATLK_S16_T16_1	P06748	NPM1	4869 nucleophosmin	Y67,570	49:09,49:09		EAMNYESGPIKVLTA	0.180766	0.216008	0.229609	0.161064	0.141638	0.087564	0.130809	0.20674	0.623136	0.610901	0.044868	-0.68238
P07204_cAAsKENVLVQHV_S1_1	P07204	THBD	7056 thrombospondin	S559			EYKCAAsKENVLVQH	0.112819	0.133063	0.104861	0.092364	0.087402	0.077911	0.085892	0.116914	0.734659	0.406489	0.299972	-0.44485
P07949_rPDSMENVQSVDAFK_S1_1	P07949	RET	5979 ret proto-oncogene	S698		96.25	ARRPDSMENVQSV	0.190173	0.183823	0.154671	0.117174	0.1228	0.121012	0.120329	0.170319	0.680498	0.050247	0.005708	-0.55534
P08047_sSSTSSSTGGGQESQSPALLAATCSR_S1_S2_S3_P08047	P08047	SP1	6667 Sp1 transcription factor	S40,541,542,743,54	12:33,12:33,12:33,12:33,12:33,12:33		QAQTSSTSSSTSSS	0.204411	0.180957	0.224048	0.127651	0.163745	0.130001	0.104065	0.203139	0.691476	0.934031	0.021326	-0.53225
P08047_vSGLQSDALINQINQISGSLQAGQQK_S21_1	P08047	SP1	6667 Sp1 transcription factor	S379		99.97	GFQTSGLQAGQQK	0.200517	0.190171	0.164149	0.104619	0.11073	0.109502	0.108283	0.203139	0.533725	0.114085	0.002067	-0.90583
P08559_yHGHMSDPGVSR_S2_1	P08559	PDHAI1	5160 pyruvate dehydrogenase E1 subunit alpha 1	S293,5295	45:72,45:72		TYRVGHMSDPGVSR_RVI	0.230024	0.257779	0.227551	0.159699	0.186892	0.153117	0.16657	0.238452	0.698547	0.935418	0.007114	-0.51757
P08567_sIRLPETLDLGLYSmkDTEK_S1_1	P08567	PLEK	5341 pleckstrin	S119		100	DKTKIRRSFPKLVFN	0.188252	0.215716	0.126063	0.104904	0.102659	0.109586	0.105716	0.21663	0.560304	0.031416	0.012194	-0.83572
P08621_yDERPGRPLHR_S8_1	P08621	SNRNP70	6625 small nuclear ribonucleoprotein U1 subunit 70	S226			YDGRPGRPLHRD	0.141216	0.190666	0.207062	0.070469	0.119521	0.077697	0.089229	0.179648	0.496688	0.747526	0.222446	-1.00959
P09601_qRAsNKVDQSAVETPR_S4_1	P09601	HMOX1	3162 heme oxygenase 1	S1377			PKQRASNKVDQSA	0.16377	0.141028	0.151874	0.120819	0.088274	0.116312	0.108468	0.152224	0.712559	0.587699	0.022256	-0.48892
P09622_eANLAASGKISNF_S1_1	P09622	DLD	1738 dihydropyrimidine dehydrogenase	S176			LAAsGKISNF	0.256777	0.239028	0.197008	0.140387	0.131832	0.071939	0.114719	0.224937	0.510005	0.911535	0.025919	-0.97142
P09661_sKTFMGAGLPTDK_S1_1	P09661	SNRPA1	6627 small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A'	S508			AKDIAKRRSKTNPFGA	0.165877	0.193699	0.183722	0.119073	0.111047	0.108762	0.112611	0.180836	0.668787	0.24532	0.00619	-0.67886
POC126_rTPAPPGPAPGEGPSGR_S10_1	POC126	TFT	29844 TCF3 fusion partner	S180			PAPEPAGPAPGEGP	0.184541	0.222762	0.177207	0.111898	0.136143	0.148769	0.13227	0.194837	0.739643	0.739643	0.024517	-0.55878
POC640_sSScNLGSSLSGFATVATGGR_S1_S2_1	POC640	SP9	100131390 Sp9 transcription factor	S53,554	47:35,47:35		GFHFWKSScNLGSS	0.185416	0.452845	0.358285	0.084096	0.1133	0.103885	0.100427	0.399442	0.254283	0.154041	0.006896	-1.97549
POC640_sSScNLGSSLSGFATVATGGR_S3_1	POC640	SP9	100131390 Sp9 transcription factor	S55		91.43	HPWKRSScNLGSS	0.356667	0.431878	0.280711	0.105716	0.122703	0.075453	0.101291	0.356219	0.28435	0.182262	0.005092	-1.81426
P10244_gELIPSPSEVSGSIPVPSV_S7_T19_2	P10244	MYBL2	4605 MYB proto-oncogene like 2	S393,7405	82:92,85:16		RKELIPSPSEVSGV	0.172368	0.149972	0.205213	0.130255	0.107616	0.119766	0.119212	0.175838	0.677966	0.285008	0.038036	-0.56072
P10398_gSDGTGRGSPASVSGR_S10_1	P10398	ARAF	369 A-Raf proto-oncogene, serine/threonine kinase	S257		99.99	SDGTGRGSPASV	0.167612	0.185763	0.201372	0.090385	0.100374	0.119304	0.103354	0.184911	0.558925	0.860655	0.003225	-0.83927
P10398_qQYVHSVQDLSGSR_S11_1	P10398	ARAF	369 A-Raf proto-oncogene, serine/threonine kinase	S157		91.82	QYVHSVQDLSGSR	0.164269	0.164389	0.180535	0.105987	0.121624	0.126499	0.118037	0.169531	0.695435	0.860591	0.032057	-0.52401
P10398_qQYVHSVQDLSGSR_S6_1	P10398	ARAF	369 A-Raf proto-oncogene, serine/threonine kinase	S157		97.42	QYVHSVQDLSGSR	0.333495	0.337058	0.243986	0.153446	0.153563	0.123362	0.143457	0.304847	0.470588	0.196406	0.073151	-1.08746
P10398_sTSPNVHMVSTTAPMDSNLQLTGQSFSDAAGSR_P10398	P10398	ARAF	369 A-Raf proto-oncogene, serine/threonine kinase	S222			APLQQRSTSPNVHMV	0.212434	0.190342	0.198004	0.133506	0.117835	0.138775	0.130039	0.183677	0.702720	0.504005	0.018752	-0.49979
P10398_sTSPNVHMVSTTAPMDSNLQLTGQSFSDAAGSR_P10398	P10398	ARAF	369 A-Raf proto-oncogene, serine/threonine kinase	S222		53.93	TSPNVHMVSTTAPMDS	0.15942	0.173686	0.210853	0.132647	0.12975	0.118266	0.126887	0.18132	0.6998	0.15166	0.02963	-0.51499
P10398_sTSPNVHMVSTTAPMDSNLQLTGQSFSDAAGSR_P10398	P10398	ARAF	369 A-Raf proto-oncogene, serine/threonine kinase	T215		67.14	TRKSTSPNVHMV	0.173368	0.209799	0.199671	0.086206	0.139725	0.123237	0.116389	0.194279	0.599082	0.640087	0.015645	-0.73918
P10412_gTGAASGK_S5_1	P10412	HIST1H1E	3008 histone cluster 1 H1 family member e	S102		95.55	GTKTGASGPKLKN	0.133976	0.152327	0.153905	0.08611	0.127193	0.098242	0.103848	0.146736	0.707723	0.431975	0.035661	-0.49874
P10412_kAsGPPVELTK_S1_1	P10412	HIST1H1E	3008 histone cluster 1 H1 family member e	S36		88.57	ASKRASGPPVEL	0.113748	0.159059	0.134235	0.102061	0.105922	0.079067	0.135681	0.582739	0.950395	0.351558	0.007908	-0.77908
P11171_sLDGAASDASDRSPRSPAPATQGGVAEGVLDAAS_P11171	P11171	EPB41	2035 erythrocyte membrane protein band 4.1	S542			ASKRASGPPVEL	0.150113											

P16949_eSVPEPFLsPpkk_S9_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	538	100	SVPEPFLSPFKKDDL	0.165326	0.209506	0.222891	0.049845	0.1021	0.044962	0.065636	0.199241	0.329428	0.949868	0.006112	-1.60197	
P16949_eSVEPFLsPpkk_S9_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	538	100	SVPEPFLSPFKKDDL	0.19766	0.23917	0.22957	0.072865	0.093442	0.07676	0.081022	0.222133	0.364747	0.403837	0.000552	-1.45503	
P16949_rASGQAFELILSPR_S12_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	525	100	QAFELILSPFKKRDV	0.242095	0.253344	0.27563	0.038577	0.087105	0.079536	0.068406	0.227603	0.266102	0.60237	0.004072	-1.90995	
P16949_rASGQAFELILSPR_S3_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	516	100	KLEKSGQAFELILSPR	0.261287	0.183525	0.307994	0.069899	0.095027	0.104707	0.089878	0.250935	0.358171	0.150966	0.012993	-1.48128	
P16949_ksEVPFELsPpkk_S1_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	528	99.6	ELILSPRSEKSVPEFL	0.257844	0.199114	0.239845	0.115922	0.109434	0.08944	0.104932	0.232534	0.451254	0.356251	0.0025	-1.41799	
P16949_ksEVPFELsPpkk_S1_S4_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	528.S3.S1	50:50	ELILSPRSEKSVPEFL	0.253491	0.186899	0.283622	0.063553	0.088086	0.062005	0.071215	0.241337	0.295085	0.160742	0.004654	-1.7608	
P16949_ksEVPFELsPpkk_S11_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	538	100	SVPEPFLSPFKKDDL	0.191777	0.117974	0.223273	0.077948	0.093469	0.09623	0.089216	0.172675	0.505131	0.06436	0.049371	-0.99386	
P16949_ksEVPFELsPpkk_S11_1	P16949	STMN1	3925 stathmin 1	528	100	SVPEPFLSPFKKDDL	0.157758	0.168638	0.200358	0.100439	0.136172	0.083819	0.10681	0.175885	0.60881	0.812712	0.026516	-0.71712	
P17029_aLPAAHIPAPHPGPR_S15_1	P17029	ZKSCAN1	7586 zinc finger with KRAB and SCAN domains 1	5208	100	PAFHGGSPFDDQAMA	0.158773	0.169592	0.17299	0.100307	0.105432	0.094987	0.100242	0.167118	0.599826	0.662097	0.000217	-0.73738	
P17029_sFSLSNFTPEEVPVTGTk_S1_S3_1	P17029	ZKSCAN1	7586 zinc finger with KRAB and SCAN domains 1	5357.S359	50:50	KGKGLGRSFFLSNSFL	0.16536	0.171033	0.15146	0.063514	0.070582	0.089648	0.074581	0.162618	0.458629	0.713795	0.000828	-1.1246	
P17029_sFSLSNFTPEEVPVTGTk_S1_S5_1	P17029	ZKSCAN1	7586 zinc finger with KRAB and SCAN domains 1	5357.S359.S361	33.33,33.33,33.33	KGKGLGRSFFLSNSFL	0.272212	0.229006	0.16667	0.064765	0.08071	0.066516	0.070664	0.222629	0.317405	0.055289	0.008075	-1.6556	
P17096_kQPPVsPGTALVGSQk_S6_1	P17096	HMGAI	3159 high mobility group AT-hook 1	536	100	PRKQPPVSPGTALVGV	0.176547	0.17641	0.167547	0.096725	0.124688	0.093615	0.105009	0.173501	0.605238	0.166506	0.002674	-0.72443	
P17096_kQPPVsPGTALVGSQk_S6_T9_1	P17096	HMGAI	3159 high mobility group AT-hook 1	536.T39	50:50	PRKQPPVSPGTALVGV	0.180886	0.187146	0.16534	0.121162	0.129012	0.087847	0.112674	0.177784	0.663767	0.418248	0.010117	-0.65798	
P17096_kQPPVsPGTALVGSQkEPSEVPk_T23_1	P17096	HMGAI	3159 high mobility group AT-hook 1	T53	100	KEPSEVPTPKRPRGR	0.154486	0.17073	0.151608	0.101387	0.111593	0.095223	0.102734	0.158941	0.646366	0.782698	0.00181	-0.62958	
P17096_qPVPSPGTALVGSQkEPSEVPk_S13_1	P17096	HMGAI	3159 high mobility group AT-hook 1	544	100	PTALVGSQkEPSEVPE	0.148604	0.149628	0.216994	0.078094	0.081435	0.065534	0.075021	0.171742	0.436824	0.087514	0.01392	-1.19488	
P17980_KMNVsDvNVEELAR_S5_1	P17980	PSMC3	5702 proteasome 26S subunit, ATPase 3	5376	99.92	HSRKMVSDvNVEELAR	0.151777	0.167192	0.15272	0.111716	0.139584	0.104023	0.118441	0.15723	0.753299	0.351585	0.031083	-0.40871	
P18583_cvSvQTDPTDEIPTk_S3_1	P18583	SON	6651 SON DNA binding protein	5376	100	SRKRCVSDvNVEELAR	0.189707	0.195805	0.164452	0.076843	0.121277	0.10352	0.100546	0.183321	0.548471	0.711681	0.006769	-0.86651	
P18615_sLYEVSsDRLR_S1_1	P18615	NELFE	7936 negative elongation factor complex member E	5131	99.99	SRKRCVSDvNVEELAR	0.191751	0.171821	0.13784	0.084369	0.100126	0.085338	0.089944	0.167136	0.538144	0.189971	0.009545	-0.89394	
P18615_sLYEVSsDRLR_S9_1	P18615	NELFE	7936 negative elongation factor complex member E	5139	98.81	LYEVSsDRLR	0.197978	0.219718	0.239084	0.081089	0.132715	0.128548	0.114117	0.218928	0.512259	0.679149	0.006772	-0.93993	
P19634_iPSAvsTVsMQNIHk_S3_S6_S9_2	P19634	SLC9A1	6548 solute carrier family 9 member A1	5599.S602.S605	48.05,48.05,99.9	GMGKPSFSAVSTVSM	0.23596	0.19943	0.220641	0.134186	0.100421	0.090944	0.108367	0.218677	0.495558	0.78157	0.008872	-0.10287	
P19634_iPSAvsTVsMQNIHk_S3_S6_L7_S9_2	P19634	SLC9A1	6548 solute carrier family 9 member A1	5599.S602.T603.S6	33.36,33.36,33.36,99.92	GMGKPSFSAVSTVSM	0.264161	0.27283	0.301668	0.16336	0.124737	0.10738	0.131826	0.206319	0.471558	0.639084	0.00281	-1.08449	
P19838_kLSTFSLTGASLLTK_S3_1	P19838	NFKB1	4790 nuclear factor kappa B subunit 1	5937	99.94	STSFRLKSTFSLTSLTS	0.184089	0.199998	0.171624	0.119907	0.130798	0.111847	0.120581	0.185237	0.650953	0.622692	0.003284	-0.61937	
P19838_kLSTFSLTGASLLTK_S3_T5_S7_T9_1	P19838	NFKB1	4790 nuclear factor kappa B subunit 1	5937.T939.S941.T9	24.32,24.32,24.32,24.32	STSFRLKSTFSLTSLTS	0.162108	0.205197	0.160476	0.116418	0.122172	0.110511	0.116367	0.179257	0.661451	0.100406	0.01626	-0.59629	
P19878_aPGRQLsGQk_S8_1	P19878	NCF2	4688 neutrophil cytosolic factor 2	5332	100	APGRQLSPGQKPESEV	0.153984	0.166771	0.167911	0.10787	0.145325	0.113671	0.122289	0.162889	0.750749	0.256509	0.031174	-0.4136	
P19878_tPEIFR_T1_1	P19878	NCF2	4688 neutrophil cytosolic factor 2	T323	100	EPFPRKPTPEIFR	0.228855	0.178631	0.161913	0.103835	0.129191	0.046654	0.092227	0.1898	0.491185	0.808866	0.03791	-1.02566	
P20020_nskEANHGDFGTLAELR_S1_1	P20020	ATP2B1	490 ATPase plasma membrane Ca2+ transporting 1	S17	100	AYSVGNLSKLANHSD	0.146998	0.129268	0.200842	0.080225	0.067013	0.094115	0.080451	0.159036	0.505866	0.235133	0.026491	-0.98317	
P20592_nRySWLLQCSQk_S1_1	P20592	MX2	4600 MX dynamin like GTPase 2	S676	95.06	LGALVGSQkEPSEVPE	0.163232	0.158045	0.129732	0.102706	0.122208	0.067974	0.097629	0.150373	0.604604	0.602212	0.049411	-0.58912	
P20592_nRySWLLQCSQk_S1_1	P20592	MX2	4600 MX dynamin like GTPase 2	S676	89.89	LGALVGSQkEPSEVPE	0.165416	0.171852	0.132871	0.07614	0.112152	0.093143	0.093812	0.156713	0.598621	0.852677	0.016835	-0.74029	
P21359_kGSMVMSSEGNDTADVPk_S3_1	P21359	NF1	4763 neurofibromin 1	52543	100	PVSEKRSVMSSEGNDT	0.180825	0.195973	0.188473	0.10335	0.111169	0.114183	0.109567	0.182653	0.581496	0.705489	0.001131	-0.78216	
P21359_kFDHLSDTk_S2_1	P21359	NF1	4763 neurofibromin 1	S2543	100	KLLGTGRLSDPHLSDT	0.173358	0.151594	0.189187	0.122052	0.092103	0.122101	0.111786	0.17138	0.652268	0.898747	0.015372	-0.61646	
P21359_ksmSLDMQPSQANTk_S4_1	P21359	NF1	4763 neurofibromin 1	S2523	99.09	PRKRSKSLDMQPSQANT	0.138895	0.132225	0.134016	0.094776	0.110605	0.093345	0.099575	0.135045	0.737347	0.229873	0.003803	-0.43958	
P21796_ITFDSSFSPTNGk_S8_1	P21796	VDAC1	7416 voltage dependent anion channel 1	S104	99.36	ITFDSSFSPTNGk	0.13993	0.163107	0.141658	0.09273	0.117814	0.117708	0.109417	0.148232	0.738148	0.887804	0.025603	-0.53802	
P22059_gATVAPLTPGNVGSgkDQcSGk_S15_1	P22059	OSBP	5007 oxysterol binding protein	S338	100	NTPGNVGSgkDQcSGK	0.192106	0.171894	0.208432	0.160513	0.12396	0.118649	0.134734	0.190821	0.704227	0.784134	0.226079	-0.45089	
P22059_sLSELESkPAESNEk_S3_1	P22059	OSBP	5007 oxysterol binding protein	S290	99.09	TALNKSLSLESLESLK	0.187045	0.170308	0.194346	0.12558	0.140529	0.146718	0.137609	0.1839	0.748284	0.874969	0.008162	-0.41834	
P22102_nGSLTNHFSFK_T5_1	P22102	GART	2618 phosphoribosylglycinamide formyltransferase, phosphor T5	T748	99.09	TLKNGSLTNHFSFK	0.207681	0.195213	0.249206	0.123866	0.121525	0.121197	0.122196	0.211397	0.562165	0.802920	0.027903	-0.83093	
P22681_eLNRHSLFSLPSQMEPRDPVR_S7_1	P22681	CBL	867 Cbl proto-oncogene	5619	100	RHLNRHSLFSLPSQME	0.202911	0.219472	0.199871	0.125078	0.112573	0.138284	0.125311	0.207418	0.604149	0.804674	0.010027	-0.72702	
P22681_eLNRHSLFSLPSQMEPRDPVR_T3_S7_1	P22681	CBL	867 Cbl proto-oncogene	7615.S619	50:50	RHLNRHSLFSLPSQME	0.187978	0.191151	0.175628	0.083931	0.114545	0.090196	0.096224	0.162151	0.735253	0.554532	0.852174	0.005678	-0.85066
P23396_kPLPDHVSIVPEKDELPTTPISEK_S8_1	P23396	RPS3	6188 ribosomal protein S3	S209	100	KPLPDHVSIVPEKDEL	0.150892	0.1745	0.168283	0.120787	0.105203	0.112738	0.112909	0.164558	0.686135	0.577178	0.030511	-0.54344	
P23497_gFENVHDKLPQESEEEEER_S15_1	P23497	SP100	6672 SP100 nuclear antigen	5157	100	KLPLDHSIVPEKDEE	0.197263	0.188552	0.192807	0.099442	0.115917	0.06082	0.09206	0.129874	0.477304	0.046352	0.020216	-0.67072	
P23634_sIHSMTHPEFAIEELPR_S1_1	P23634	ATP2B4	493 ATPase plasma membrane Ca2+ transporting 4	S1162	99.51	QKPYNKS IHSMTHPE	0.179625	0.140279	0.206677	0.111406	0.081992	0.097524	0.096974	0.174627	0.555319	0.327418	0.020867	-0.84861	
P23634_sIHSMTHPEFAIEELPR_S4_1	P23634	ATP2B4	493 ATPase plasma membrane Ca2+ transporting 4	S1162.S1165	49.75,49.75	QKPYNKS IHSMTHPE	0.199951	0.204738	0.271402	0.119892	0.160104	0.141222	0.104604	0.225634	0.623019	0.404721	0.032007	-0.68265	
P25054_rsAAHTHSNYFNk_S2_S3_1	P25054	APC	324 APC, WNT signaling pathway regulator	5295.S926	49.61,49.61	RSAAHTHSNYFNK	0.268127	0.21251	0.207999	0.156016	0.095478	0.080117	0.110537	0.229545	0.481547	0.821091	0.016906	-1.05425	
P25490_hQLVHKGKFCQTEGcGk_T6_1	P25490	YY1	7528 YY1 transcription factor	T348	100	ERKLVHKGKFCQTEG	0.216457	0.242642	0.193535	0.075015	0.080486	0.052123	0.069208	0.217545	0.318131	0.544008	0.00474	-1.65231	
P26368_eHESGLRSPR_S9_1	P26368	U2AF2	11338 U2 small nuclear RNA auxiliary factor 2	S109	100	HESGLRSPR	0.189764	0.163306	0.191244	0.136891	0.118409	0.148909	0.134737	0.181438	0.742604	0.97706	0.012105	-0.42933	
P26373_nksTEGLQAVQR_S3_1	P26373	RPL13	5792 ribosomal protein L13	5796	89.65	DRGRNKRKSTESLQAN	0.18762	0.180329	0.180878	0.151577	0.121693	0.101812	0.125083	0.182943	0.687354	0.050816	0.017041	-0.54845	
P28290_eASAsDVGKSESEFTQYTHHLK_S3_1	P28290	ITPRID2	6774 ITPR interacting domain containing 2	5641	87.64	HLKRSAsDVGKSESE	0.154532	0.190463	0.185469	0.109099	0.123148	0.145108	0.125785	0.176821	0.711367	0.93013	0.029333	-0.49133	
P28290_sLAsiEK_S4_1	P28290	ITPRID2	6774 ITPR interacting domain containing 2	5668	100	HLLKRSAsDVGKSESE	0.171254	0.167759	0.176476	0.098505	0.119527	0.126153	0.114728	0.171829	0.667688	0.169097	0.00228	-0.58275	
P29350_dLGDATLk_S3_1	P29350	PTNP6	5777 protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 6	S10	100	RWFHRDLGSDATL	0.153958	0.139143	0.158172	0.100487	0.096258	0.11248	0.103075	0.148304	0.695023	0.950234	0.002519	-0.52487	
P29353_hGSFVNKPTR_S3_1	P29353	SHC1	6464 SHC adaptor protein 1	S139	100	EWTRHSLGSDATL	0.181825	0.174029	0.205079	0.090732	0.101329	0.067353	0.086472	0.186978	0.642469	0.926708	0.001838	-1.11257	
P29374_sTLsNMVGLSK_S1_S4_S5_1																			

P38159_gHMDDGGYSMNFMSSrGLPvk_S18_1	P38159	RBMX	27316 RNA binding motif protein, X-linked	5143			80.53	MNFNMSSSRGLPVK	0.242254	0.211884	0.182417	0.123038	0.101988	0.118772	0.114599	0.212185	0.540091	0.24303	0.006108	-0.88872
P38159_gHMDDGGYSMNFMSSrGLPvk_S16_S17_1	P38159	RBMX	27316 RNA binding motif protein, X-linked	5141.S142	47.31;47.31			YSMFMNMSSSRGLPVK	0.229718	0.216854	0.169937	0.145226	0.129852	0.13451	0.13653	0.205503	0.664368	0.118118	0.021151	-0.58995
P38159_gRbDYSGGPPR_S4_1	P38159	RBMX	27316 RNA binding motif protein, X-linked	5189			92.07	PVSRGRDYSGGPPRR	0.144384	0.141732	0.166691	0.121679	0.1082319	0.105709	0.150936	0.700356	0.609634	0.034353	-0.51384	
P38159_sAPSPGVRSSgMGGRR_S4_S9_S10_S11_1	P38159	RBMX	27316 RNA binding motif protein, X-linked	5168.S173.S174.S1_1	24.95;24.95;24.95;24.95			PKRSPAPSGVRSSG	0.179856	0.216975	0.165671	0.096973	0.131775	0.103062	0.110603	0.187501	0.589983	0.659688	0.014665	-0.7615
P38159_yDYSSMRDYGGSRR_S7_1	P38159	RBMX	27316 RNA binding motif protein, X-linked	5316			88.4	YDYSSMRDYGGSRR	0.316801	0.388207	0.232613	0.131	0.198332	0.190748	0.17336	0.312554	0.55468	0.366311	0.04984	-0.85027
P38398_sPSPFTHLAQGYR_S1_1	P38398	BRCA1	221927 BRCA1 associated ATM activator 1	51189			97.58	QKGLGSRSPFPFHT	0.238884	0.221152	0.27409	0.172776	0.173205	0.138072	0.161351	0.244695	0.659396	0.717662	0.012755	-0.60078
P38398_sPSPFTHLAQGYR_S1_S7_1	P38398	BRCA1	221927 BRCA1 associated ATM activator 1	51189.S1191.T1191	33.33;33.33;33.33			QKGLGSRSPFPFHT	0.179888	0.20621	0.187072	0.106888	0.152975	0.085967	0.11661	0.184263	0.618872	0.406803	0.036203	-0.69229
P38398_sPSPFTHLAQGYR_S1_S7_1	P38398	BRCA1	221927 BRCA1 associated ATM activator 1	51191.T1194	44.96;44.96			GLGSRSPFPFHT	0.313217	0.274203	0.320961	0.192038	0.172467	0.137648	0.167384	0.320793	0.5528	0.905621	0.032449	-0.85517
P38432_nS1TIQNVPETPK_S3_S1_1	P38432	COL1	8161 collagen	5454.S447	47.98;47.98			LNDLVKNSSTIQNP	0.14005	0.17436	0.137661	0.095238	0.108716	0.099459	0.101138	0.10699	0.617165	0.202622	0.016643	-0.57526
P39880_rPSLQSLGPEAAEAR_S3_S7_1	P39880	CUX1	1523 cut like homeobox 1	51454.S1458	46.78;46.78			PSAPRRPSSQLGPEAAEAR	0.157176	0.184154	0.206458	0.086111	0.0749	0.075607	0.088773	0.182776	0.4431526	0.124203	0.020032	-1.21248
P40222_rPEGSAQAPSPR_S12_1	P40222	TXLNA	200081 taxilin alpha	5155			94.56	PESGAPSPFRVTEA	0.205675	0.193042	0.235826	0.094876	0.113957	0.087316	0.0988716	0.241514	0.408739	0.067811	0.029459	-1.29075
P40222_vQDLSAGGQSLTDSGPERRPEGPAQAPSPR_S11_1	P40222	TXLNA	200081 taxilin alpha	5495			59.93	LSAGGQSLTDSGPE	0.147307	0.171457	0.17366	0.118422	0.120988	0.112903	0.117438	0.164414	0.715467	0.147869	0.005988	-0.48304
P40222_vQDLSAGGQSLTDSGPERRPEGPAQAPSPR_S30_1	P40222	TXLNA	200081 taxilin alpha	5514.S515	50;50			PGPAQAPSPRVTEA	0.169049	0.198358	0.206812	0.13061	0.131789	0.11978	0.127393	0.191407	0.655563	0.200748	0.006061	-0.58735
P40818_sySPDITQAIQIEEER_S1_1	P40818	USP8	9101 ubiquitin specific peptidase 8	5716			99.6	EPSKLKRYSFPDIT	0.224036	0.17899	0.245236	0.160666	0.191789	0.156097	0.145517	0.216087	0.673419	0.609518	0.03945	-0.57042
P42166_dsGSFVAFQNIPEGSLMSFFAK_S2_1	P42166	TMPO	7112 thymopointin	5442			91.24	KSVSEERDSSGFVAFQ	0.218746	0.209971	0.314791	0.131042	0.092561	0.134648	0.119417	0.247836	0.481838	0.277248	0.023797	-1.05338
P42166_IAsERNLfSck_S3_1	P42166	TMPO	7112 thymopointin	5272			100	GQLQKLASERNLfSCK	0.244841	0.318318	0.187928	0.075749	0.113404	0.085523	0.091559	0.250362	0.365705	0.164034	0.105171	-1.45125
P42166_nRPLPAGfNSk_T9_1	P42166	TMPO	7112 thymopointin	T57			98.95	RPLPAGfNSKGPDP	0.211353	0.18366	0.243521	0.111908	0.078707	0.072968	0.087861	0.212845	0.412793	0.659892	0.004091	-1.27651
P42166_sTPLTfSSAENTR_T3_1	P42166	TMPO	7112 thymopointin	T160			97.98	RTSRSSSTPLTfSS	0.22834	0.226745	0.237675	0.104944	0.150301	0.102454	0.119233	0.23092	0.516338	0.091691	0.002174	-0.95361
P42167_emFPYEAStPTGISAsCRfPK_S14_S16_1	P42167	TMPO	7112 thymopointin	5360.S362	47.69;47.69			ASTPTGISAsCRfPK	0.113519	0.185689	0.155622	0.06313	0.09625	0.057266	0.072215	0.15164	0.476323	0.503238	0.034055	-1.06999
P42167_eQGETRSStPLTfSSAENTR_S9_1	P42167	TMPO	7112 thymopointin	5159			89.5	QGETRSStPLTfSS	0.170093	0.185334	0.175122	0.105956	0.139099	0.113278	0.120658	0.17685	0.682261	0.378391	0.005501	-0.5516
P42167_gLQALRESTR_S11_1	P42167	TMPO	7112 thymopointin	S250			80.37	LQALRESTRGSRRT	0.210108	0.194464	0.209447	0.045761	0.07129	0.068143	0.061731	0.204673	0.30161	0.575488	0.00115	-1.72924
P42167_gLQALRESTRGSR_S11_S15_2	P42167	TMPO	7112 thymopointin	S250.S254	93.73;94.1			LQALRESTRGSRRT	0.160393	0.152487	0.194478	0.07376	0.104936	0.107089	0.095262	0.168786	0.564393	0.847713	0.001129	-0.82523
P42167_nRPLPAGfNSk_T9_1	P42167	TMPO	7112 thymopointin	T57			98.95	RPLPAGfNSKGPDP	0.246044	0.176372	0.240471	0.111731	0.073559	0.079043	0.088111	0.221662	0.396605	0.426056	0.00625	-1.33423
P42167_rVHNQSYQAGfTETEWtSSGSK_S7_Y8_S9_1	P42167	TMPO	7112 thymopointin	S222.Y223.S224	33.17;33.17;33.17			RVHNSQSYQAGfT	0.275193	0.18677	0.232615	0.114079	0.088508	0.127895	0.110614	0.231526	0.475803	0.339173	0.012332	-1.07156
P42167_sTPLTfSSAENTR_T3_1	P42167	TMPO	7112 thymopointin	S265819			97.98	RTSRSSSTPLTfSS	0.265819	0.217747	0.238213	0.104777	0.140471	0.110983	0.118744	0.240593	0.493547	0.76916	0.02367	-1.01874
P42167_vHNQSYQAGfTETEWtSSGSK_S8_1	P42167	TMPO	7112 thymopointin	S224			98.47	VHNQSYQAGfT	0.223184	0.166593	0.196208	0.155128	0.135115	0.130714	0.140319	0.195328	0.718376	0.348916	0.037119	-0.47719
P42226_gyVPATK_Y2_1	P42226	STAT6	6778 signal transducer and activator of transcription 6	Y641			98.47	KSVDEERDSSGFVAFQ	0.244566	0.243643	0.243122	0.082244	0.106758	0.111601	0.100201	0.243777	0.411036	0.004306	0.039718	-1.28266
P42229_eANNCSfPAGfLVDAMSQK_S7_1	P42229	STAT5A	6776 signal transducer and activator of transcription 5A	S128			94.78	REANNCSfPAGfLV	0.209425	0.210129	0.205666	0.071739	0.110874	0.103853	0.095489	0.208707	0.457525	0.106227	0.106651	-1.12808
P42331_sKfDfLSPfPAQK_S7_1	P42331	ARHGAP25	9938 Rho GTPase activating protein 25	S362			100	KfDfLSPfPAQKND	0.167888	0.177655	0.168078	0.090451	0.127147	0.128569	0.115389	0.112107	0.673973	0.152523	0.013333	-0.56924
P42345_tDSYAGSfVEfLGDfVEGfPAHk_S3_1	P42345	MTOR	2475 mechanistic target of rapamycin	S2448			76.27	RSRTRfDfSYAGSfV	0.187601	0.191655	0.198014	0.141772	0.153268	0.132083	0.142374	0.192424	0.7399	0.393496	0.001848	-0.4346
P42345_tRfDfSYAGSfVEfLGDfVEGfPAHk_S5_1	P42345	MTOR	2475 mechanistic target of rapamycin	S2448			83.66	RSPRTRfDfSYAGSfV	0.160514	0.17879	0.20287	0.114277	0.119905	0.115278	0.116487	0.180725	0.644553	0.039159	0.032426	-0.63363
P42695_sLGVfLPLfNSGfPek_S11_S13_1	P42695	NCAPD3	23310 non-SMC condensin I complex subunit 3	S1382.S1384	49.83;49.83			VfLPLfNSGfPEKTC	0.186065	0.159701	0.158704	0.087946	0.110126	0.118907	0.10566	0.168157	0.628341	0.972093	0.008259	-0.67038
P42766_gLDDKfLkVfLQR_S10_1	P42766	RPL35	11224 ribosomal protein L35	S29			100	DLDFLDDKfLkVfLQR	0.218378	0.214869	0.211642	0.073325	0.088033	0.0888	0.083386	0.216931	0.387909	0.295652	1.68	-0.36621
P42858_nSfMALQfAHkLk_S2_S3_1	P42858	HTT	3064 huntingtin	5620.S621	50;50			ASfMALQfAHkLk	0.163052	0.190574	0.171509	0.108872	0.111448	0.135243	0.125088	0.175045	0.714602	0.879157	0.00107	-0.48479
P46019_sLNVfLSDfPPLk_S4_1	P46019	PHKA2	5256 phosphorylase kinase regulatory subunit alpha 2	S729			100	VfLSDfPPLk	0.20325	0.302301	0.177151	0.062616	0.122875	0.07426	0.08575	0.227658	0.646453	0.039159	0.02912	-1.48088
P46821_tKfSPDSfSYfTfGK_S4_1	P46821	MAP1B	4131 microtubule associated protein 1B	S1915			90.64	KfSPDSfSYfTfGK	0.182515	0.178272	0.171032	0.113274	0.133277	0.108011	0.118187	0.177773	0.666698	0.318921	0.021247	-0.5849
P47974_sQKQfDfLQfLAPfPAPPSfATLpAGAAfPPS_S7_1	P47974	ZFP361Z	678 ZFP361 zinc finger protein like 2	S426			92.27	AKfEAAfPPSfDfLQfL	0.121353	0.210678	0.2261	0.100309	0.1333	0.137721	0.123777	0.20303	0.609646	0.705338	0.006198	-0.71396
P48382_kkVfESSfPAGfANNfQVfALNR_S3_1	P48382	RFK5	5993 regulatory factor X5	S308			99.99	AGfRKRfKfSVfESSfP	0.224836	0.222821	0.195264	0.116425	0.114767	0.085505	0.105566	0.214307	0.49259	0.948701	0.004422	-1.02154
P49116_dLRSfPLfATfPfVADfDfGAR_S4_1	P49116	NR2C2	7182 nuclear receptor subfamily 2 group C member 2	S199			100	YfRfDfLRSfPLfATfP	0.198841	0.185934	0.212456	0.119987	0.105958	0.141596	0.122514	0.190797	0.615408	0.706112	0.004205	-0.70038
P49207_rLsYfNTASfNK_S3_1	P49207	RPL34	6164 ribosomal protein L34	S12			85.69	YfRfRfRfLsYfNTASfNK	0.191715	0.198409	0.169231	0.094787	0.105853	0.088288	0.096309	0.184652	0.516537	0.504792	0.009007	-0.95306
P49207_rLsYfNTASfNK_S4_1	P49207	RPL34	6164 ribosomal protein L34	S12.Y12.T15	33.33;33.33;33.33			LfYfRfRfLsYfNTASfNK	0.179138	0.216176	0.16691	0.090344	0.101231	0.071549	0.087708	0.186458	0.468005	0.510382	0.004368	-1.0954
P49207_rLsYfNTASfNK_S4_Y5_1	P49207	RPL34	6164 ribosomal protein L34	S12			99.7	YfRfRfRfLsYfNTASfNK	0.21642	0.174004	0.170374	0.149353	0.120669	0.103365	0.124631	0.186933	0.665815	0.90298	0.35182	-0.58681
P49207_rLsYfNTASfNK_Y5_1	P49207	RPL34	6164 ribosomal protein L34	S12.Y13	49.9;49.9			LfYfRfRfLsYfNTASfNK	0.183462	0.206067	0.178787	0.168866	0.106329	0.097888	0.124301	0.192475	0.645803	0.175095	0.043379	-0.63083
P49756_fGASfNSfGQfPNSfK_S6_1	P49756	RBM25	58517 RNA binding motif protein 25	Y173			93.96	TfYfRfRfLsYfNTASfNK	0.163801	0.156359	0.147669	0.130099	0.103668	0.08481	0.106192	0.159943	0.68097	0.227337	0.023386	-0.55434
P49756_gSfFRfGfPALSfQK_S3_1	P49756	NUMB	8650 NUMB, endocytic adaptor protein	S276			99.69	LkLGAfNSfGQfPNSfK	0.153965	0.158727	0.176303	0.079338	0.132504	0.097248	0.10303	0.162598	0.632094	0.318165	0.024426	-0.66179
P49757_qGfPHYfEASfTfSfPFFfKfPQAHLfNGSAfAFfVDDGfI_S7_1	P49757	NUMB	8650 NUMB, endocytic adaptor protein	T572.S573	34.54;34.54			YfEASfTfSfPFFfKfP	0.22403	0.1948	0.176215	0.126625	0.122893	0.170993	0.14017	0.198349	0.706686	0.895916	0.04891	-0.50086
P49757_qQfPHYfEASfTfSfPFFfKfPQAHLfNGSAfAFfVDDGfI_S7_1	P49757	NUMB	8650 NUMB, endocytic adaptor protein	T572.S573	34.54;34.54			YfEASfTfSfPFFfKfP	0.285143	0.279685	0.262977	0.098722	0.089046	0.081652	0.089807	0.263935	0.34026	0.132608	0.00	

P55237_sFEKVENLK_S1_1	P55327	TPD52	7163 tumor protein D52	S176	100	KNSPTFKSFEKVEN	0.183348	0.192855	0.216427	0.093929	0.118188	0.062447	0.091521	0.197544	0.463297	0.54155	0.004957	-1.10999
P55327_vGGTKPAGGDFGEVLSNAASATTTPEPKTQESL	P55327	TPD52	7163 tumor protein D52	S223	84.57	LPEKTQESL	0.231844	0.230025	0.274681	0.133768	0.149291	0.117601	0.133553	0.245517	0.543968	0.564361	0.002888	-0.87841
P56524_aQSPASATFPVSVQEPPTKPR_S3_S4_1	P56524	HDAC4	9759 histone deacetylase 4	5632.5633	49.67,49.67	RPLPRAQSPSPASATF.PL	0.166579	0.184339	0.171975	0.097161	0.132984	0.134254	0.124666	0.174298	0.69689	0.314983	0.016284	-0.521
P56524_aQSPASATFPVSVQEPPTKPR_S3_S4_S7_1	P56524	HDAC4	9759 histone deacetylase 4	5632.5633.5636	33.24;33.24;33.24	RPLPRAQSPSPASATF.PL	0.167064	0.212575	0.206276	0.113316	0.131856	0.16084	0.135337	0.195305	0.692295	0.970938	0.039112	-0.52917
P57740_qPDIscLIGTGKsPR_S5_T10_1	P57740	NUP107	57122 nucleoporin 107	5712.2	49.9,49.9	LRLQRPDIscLIGTG.G.DI	0.172466	0.165198	0.152039	0.069997	0.123322	0.139577	0.119966	0.163234	0.73493	0.376884	0.034781	-0.44432
P60174_kQLGELIGLTLNAAK_S3_1	P60174	TP11	7167 triosephosphatase isomerase 1	558		KMNGGRQSGDELIGT	0.156248	0.162415	0.155323	0.109702	0.126472	0.117009	0.117728	0.157995	0.745137	0.347471	0.010165	-0.42442
P61978_gSYGDLGPHITVQTPIK_S2_Y3_1	P61978	HNRNPK	3190 heterogenous nuclear ribonucleoprotein K	5379.Y380	42.15;42.15	YVAGGSGYDLGPHI.GP.YAI	0.140715	0.225253	0.236064	0.082663	0.103675	0.064578	0.083639	0.198857	0.420597	0.261742	0.021025	-1.24949
P62081_rSLTAVHAIDALELVFSEIVGR_S1_T3_1	P62081	RP57	6201 ribosomal protein S7	5119.T121	47.46;47.46	NKQKRRPSRTLTA.VH.QKI	0.136618	0.138415	0.117862	0.102039	0.088718	0.102675	0.097811	0.130965	0.746824	0.648053	0.174286	-0.42112
P62633_gFQVSSsPDIcYR_S7_S8_1	P62633	CNPB	7555 COHC-type zinc finger nucleic acid binding protein	548.549	47.47,17.47	RKGFQ36334.YC.GFI	0.136334	0.347516	0.362895	0.146732	0.136108	0.138445	0.140428	0.357921	0.392351	0.554962	3.7486	-1.34978
P62805_risGLYEETR_S3_1	P62805	HIST1H4A	8359 histone cluster 1 H4 family member A	5408		10.RGVKRIISGLIYEET	0.18219	0.196305	0.166631	0.081893	0.131597	0.086437	0.099976	0.181512	0.550797	0.453206	0.010661	-0.86041
P62995_rPHTPTGVMGRPTYGsR_S18_1	P62995	TRA2B	6434 transformer 2 beta homolog	S215		10.MGRL56	0.163569	0.180675	0.084923	0.093757	0.058469	0.07905	0.164913	0.479341	0.80903	0.003362	-1.06088	
P78345_qAsVTLQPLK_S3_1	P78345	RPP38	10557 ribonuclease P/MRP subunit p38	S253		10.LADGGRASVTLQPLK	0.286271	0.268356	0.195356	0.027071	0.086863	0.061644	0.058256	0.249994	0.23411	0.559614	0.004275	-2.09474
P78345_qAsVTLQPLK_S3_T5_1	P78345	RPP38	10557 ribonuclease P/MRP subunit p38	S253.T255	50:50	LADGGRASVTLQPLK.DGI	0.245159	0.235118	0.17924	0.053221	0.094512	0.069942	0.072559	0.219839	0.330053	0.509664	0.003441	-1.59923
P82094_sAtPVncEQDILVSSTPINEGQTLVLDK_T3_1	P82094	TMF1	7110 TATA element modulatory factor 1	T401		10.EESGRASATPVNCEQP	0.209764	0.24389	0.22176	0.129565	0.173202	0.106315	0.136361	0.225138	0.605675	0.412588	0.015678	-0.72338
P85037_eEAPAsRLRPLYPQISPLK_S6_1	P85037	FOXK1	221937 forkhead box K1	S213		10.HKKEAPASRLRPLYP	0.217509	0.266718	0.201033	0.123918	0.152025	0.070599	0.115514	0.22842	0.505709	0.811487	0.021868	-0.98362
P85037_qsPPALAR_S2_1	P85037	FOXK1	221937 forkhead box K1	S101		10.AAASVRSQSPGALAR	0.169199	0.233817	0.236097	0.089526	0.119476	0.087567	0.098856	0.213037	0.464003	0.362935	0.009235	-1.1077
P98082_sPNPVGtGSPK_S9_1	P98082	DAB2	1601 DAB2, clathrin adaptor protein	S401		10.SPNFVGSPPFKGLSI	0.192018	0.231078	0.209821	0.097621	0.13026	0.112259	0.11338	0.210972	0.537417	0.822773	0.002682	-0.89589
P98175_gSvGVTSTESyKTLH_K4_1	P98175	RBM10	8241 RNA binding motif protein 10	Y906		10.GARGSSYGVSTSTES	0.242369	0.253282	0.183472	0.093311	0.116609	0.101352	0.103757	0.226374	0.458345	0.180664	0.005715	-1.1255
Q00013_qGSLHVGDEILEINTNVNHSVDLQK_S3_1	Q00013	MPP1	4354 membrane palmitoylated protein 1	S110		10.LGIRHSGSLHVGDEI	0.191044	0.171666	0.177734	0.094219	0.129466	0.108572	0.110752	0.180148	0.614786	0.476455	0.004801	-0.70184
Q00013_rPEAVSHPLNTVETEDMVTNGSPAPGPAQVK_S27_1	Q00013	MPP1	4354 membrane palmitoylated protein 1	S117		10.NGSPAPGPAQVK	0.179644	0.202252	0.224286	0.129185	0.129111	0.120831	0.126376	0.202061	0.625434	0.088457	0.00456	-0.67707
Q00577_qTVNRGPGGLSQTGQITAIAPAGLIEFR_S11_1	Q00577	PURA	5813 purine rich element binding protein A	S582		10.PLRGSRGTPGGTQ	0.170826	0.161933	0.168259	0.094466	0.132673	0.135937	0.121026	0.160766	0.724677	0.075806	0.027588	-0.46459
Q00653_InSIVPErKFPAPETADGPIVLVEQPK_S4_1	Q00653	NFKB2	4791 nuclear factor kappa B subunit 2	S22.523	50:50	YDFKFNLSIVEPK.E.DDI	0.176328	0.140725	0.159676	0.103584	0.11065	0.121598	0.113494	0.15891	0.70445	0.412183	0.015237	-0.50543
Q01167_rIKEDGEGEIVALSVDTPPAAVR_T4_1	Q01167	FOXK2	3607 forkhead box K2	T604		10.PEIKRKTDEDEGQ	0.209224	0.27399	0.23192	0.103714	0.178513	0.117044	0.113909	0.238378	0.558317	0.808404	0.024273	-0.84084
Q01432_qSLSLQMPQDQDK_S5_S5_1	Q01432	AMPD3	272 adenosine monophosphate deaminase 3	S85.S87	49.99,49.99	FKMRTRQSLSLQMP.P.MII	0.131802	0.198554	0.137232	0.048335	0.079719	0.060159	0.062738	0.155862	0.402519	0.309097	0.011612	-1.31287
Q01432_qSLSLQMPQDQDK_S5_1	Q01432	AMPD3	272 adenosine monophosphate deaminase 3	S87		10.HKEARSLSLQMP.PQ	0.188434	0.221213	0.176617	0.048886	0.134009	0.071902	0.092632	0.195421	0.496017	0.664387	0.013121	-0.31254
Q01433_qSVDKVLDPDILLR_S3_1	Q01433	AMPD2	271 adenosine monophosphate deaminase 2	S168		10.PLERQISQVQKPLEP	0.16771	0.21221	0.160107	0.092425	0.145403	0.111427	0.116419	0.180009	0.646738	0.952545	0.472444	-0.62875
Q01433_slPGAAPcLk_S1_1	Q01433	AMPD2	271 adenosine monophosphate deaminase 2	S100		10.PLQASRSLPGAAPC	0.156408	0.187932	0.145374	0.063708	0.108329	0.096594	0.096594	0.163238	0.548546	0.953787	0.012469	-0.86631
Q01664_fIQELSGSsP_S9_1	Q01664	TFAP4	7023 transcription factor AP-4	S1284		10.IQELSGSsPKRRAR	0.164084	0.185037	0.179235	0.114617	0.154943	0.097506	0.122202	0.176119	0.693862	0.236377	0.041245	-0.52728
Q01804_rDEQYVQYR_S1_1	Q01804	OTUD4	54726 OTU deubiquitinase 4	S1040		10.WPFQPSRSDGEEVQY	0.149768	0.192475	0.162735	0.100669	0.119683	0.095194	0.105182	0.168232	0.624872	0.512569	0.067837	-0.67837
Q02241_sVsPSPVLSNYIAQISNQQLMSQPLQHR_S3_1	Q02241	KIF23	9493 kinesin family member 23	S684		10.KVTRQSRVSPVFLPVS	0.208036	0.198048	0.261888	0.125984	0.152094	0.179818	0.152632	0.212647	0.71777	0.588355	0.031553	-0.47841
Q02543_ahSIQIMK_S3_1	Q02543	RPL18A	6142 ribosomal protein L18a	S1283		10.SVLS452	0.168945	0.163868	0.098008	0.103684	0.094846	0.095846	0.161445	0.593677	0.976271	0.00388	-0.75225	
Q03164_sDTPVEHPPLPISQSPENSDRR_S13_1	Q03164	KMTZ4	4297 lysine methyltransferase 24	S516		10.VPFLPIQSPENES	0.197347	0.215134	0.179943	0.130007	0.151551	0.104213	0.128591	0.197475	0.651174	0.710664	0.015579	-0.61888
Q03164_sGSDRNSALSDPSVSPLNK_S1_1	Q03164	KMTZ4	4297 lysine methyltransferase 24	S516		10.KFRGPRSPGSDRNSA	0.171809	0.177569	0.198463	0.14591	0.10928	0.130935	0.182674	0.171004	0.695523	0.019711	-0.47995	
Q03164_sGSDRNSALSDPSVSPLNK_S1_S3_1	Q03164	KMTZ4	4297 lysine methyltransferase 24	S181.S183	47.61;47.61	KFRGPRSPGSDRNSA.RGI	0.201824	0.200491	0.265774	0.146746	0.133742	0.127552	0.136013	0.222696	0.610757	0.128978	0.017661	-0.71133
Q03188_rTSGVNQVPSAqK_S10_1	Q03188	CENPA	1060 centromere protein 2	S176		10.VSQVNTTSGVNQVPSA	0.173928	0.169274	0.164009	0.090261	0.124045	0.113417	0.108041	0.16907	0.639031	0.179691	0.003088	-0.64604
Q03252_aTSSSGLSATGR_T2_S3_1	Q03252	LMBN2	84823 lamin B2	T418.S419	46.04;46.04	RVTYSRATSSSGLS.VT	0.166274	0.247201	0.242042	0.093493	0.158002	0.122012	0.124502	0.218506	0.56979	0.67468	0.434013	-0.8115
Q03252_ikLsSPSSR_S4_1	Q03252	LMBN2	84823 lamin B2	S405		10.EEERLkLsSPSSSRV	0.14427	0.179843	0.14963	0.103982	0.12588	0.099595	0.109419	0.157915	0.695432	0.704088	0.02068	-0.52402
Q04656_sPNSYTDATFIIDGmHck_S1_1	Q04656	ATP7A	538 ATPase copper transpore alpha	S270		10.SLKGQRSPVSTYKDS	0.130636	0.128323	0.157186	0.098336	0.113109	0.088044	0.09983	0.138715	0.719676	0.763249	0.29868	-0.47458
Q05655_gRGEyFAK_Y5_1	Q05655	PRKCD	5580 protein kinase C delta	Y374		10.EELGQRGEYFAK	0.155486	0.172139	0.182769	0.083251	0.137116	0.070536	0.096968	0.170132	0.599597	0.262946	0.028802	-0.81108
Q05655_nLIDSmQSAFAGFsFVNPk_S15_1	Q05655	PRKCD	5580 protein kinase C delta	S664		10.QSAFAGFsFVNPK	0.172859	0.193807	0.160734	0.083368	0.127663	0.120826	0.110619	0.1758	0.629231	0.6598	0.017909	-0.66834
Q05655_sEDEAKPtmNRR_T9_1	Q05655	PRKCD	5580 protein kinase C delta	Y144		10.EDAEPKTFMNRKAI	0.167113	0.21237	0.193927	0.086089	0.109008	0.085386	0.093944	0.191137	0.489148	0.517191	0.003603	-1.03166
Q05D32_kyEVDDSLSPSGGEKPSK_S3_1	Q05D32	CTDSP12	51496 CTD small phosphatase like 2	S28		10.ARARKKYSEVDDSLP	0.195229	0.196495	0.234927	0.151935	0.12619	0.167199	0.148441	0.20887	0.714015	0.874915	0.030325	-0.48597
Q05D32_kyEVDDSLSPSGGEKPSK_Y2_S3_1	Q05D32	CTDSP12	51496 CTD small phosphatase like 2	Y27.S28	50:50	TARAKRYSEVDDSL.AR	0.162563	0.201149	0.1938	0.119918	0.118539	0.121028	0.119828	0.18789	0.641389	0.800754	0.024846	-0.64073
Q05D32_kyEVDDSLSPSGGEKPSKNETGLSSK_Y2_1	Q05D32	CTDSP12	51496 CTD small phosphatase like 2	Y27		10.TARAKRYSEVDDSL	0.178588	0.213212	0.221387	0.150903	0.1323	0.153937	0.145713	0.204395	0.712899	0.42001	0.016455	-0.48823
Q05D32_kyEVDDSLSPSGGEKPSKNETGLSSK_Y2_S3_1	Q05D32	CTDSP12	51496 CTD small phosphatase like 2	Y27.S28	49.97,49.97	TARAKRYSEVDDSL.AR	0.178201	0.183982	0.225709	0.155339	0.131189	0.152933	0.146487	0.195964	0.747521	0.416939	0.042336	-0.41981
Q05D32_nTGLSSk_S8_1	Q05D32	CTDSP12	51496 CTD small phosphatase like 2	S51		10.NTGLSSkKFKFK	0.190596	0.149135	0.157632	0.085362	0.099695	0.117538	0.100865	0.165787	0.608399	0.702767	0.014433	-0.71691
Q06210_vDtTcLPVPEEK_S3_1	Q06210	GFPT1	2673 thiamine--fructose-6-phosphate transaminase 1	S261		10.CNLSRSLTcLPVPEEK	0.165399	0.176292	0.171085	0.101203	0.139179	0.126322	0.122325	0.170912	0.715192	0.148439	0.013697	-0.46836
Q06587_slRPPDMFALISK_S1_1	Q06587	RING1	6015 ring finger protein 1	S96		10.KRLVSRSLRPPDMF	0.247153	0.207671	0.14708	0.092635	0.106618	0.10848	0.102577	0.200635	0.511265	0.075351	0.29358	-0.96786
Q07002_rASLSDIGFGK_S3_S5_1	Q07002	CDK18	5129 cyclin dependent kinase 18	S132.S134	50:50	SKMSRSLSDIGFG.MSI	0.257302	0.355824	0.218133	0.101473	0.035167	0.026657	0.02552	0.27086	0.092102	0.040989	0.023566	-3.44063
Q07002_rASLSDIGFGK																		

Q13111_sPSTYHTPTSEDAAIAPS_S1_1	Q13111	CHAF1A	10036 chromatin assembly factor 1 subunit A	5775	69.52	NHTGSPRSPSTTYLH	0.171845	0.197365	0.203007	0.111613	0.105373	0.070889	0.095958	0.190739	0.503088	0.728591	0.003961	-0.99112
Q13112_gsPGPRVPEVTPASR_S2_S3_1	Q13112	CHAF1B	8208 chromatin assembly factor 1 subunit B	5409.5410	50:50	KQSTHRGSSFGPPRRV_SQ'	0.1699	0.1939	0.197872	0.12295	0.144311	0.106845	0.124702	0.187224	0.666059	0.786275	0.010924	-0.58628
Q13112_tDTPPSTVSTVSTPTEIEQSTPGDAQGSPPELK_S3	Q13112	CHAF1B	8208 chromatin assembly factor 1 subunit B	5538		TPGDQAFSGFPELKRKP	0.217663	0.228952	0.272214	0.137741	0.178583	0.144808	0.153701	0.239609	0.661504	0.72986	0.014610	-0.64047
Q13129_gHRPvPAPGASGLRPLWQLETSLR_S6_S12_1	Q13129	RLF	6018 rearranged L-myc fusion	541		VRGHRVPSFAPGASG	0.179063	0.178384	0.26139	0.125011	0.135415	0.100137	0.120188	0.206279	0.582645	0.252112	0.043214	-0.77931
Q13129_gHRPvPAPGASGLRPLWQLETSLR_S6_S12_1	Q13129	RLF	6018 rearranged L-myc fusion	541.547	49.99,49.99	VRGHRVPSFAPGASG_VSI	0.187176	0.207165	0.17046	0.125118	0.112735	0.117678	0.188267	0.62506	0.502593	0.00331	-0.67793	
Q13129_hLPDLFCASEANQIDTEAENLK_S15_T19_1	Q13129	RLF	6018 rearranged L-myc fusion	5878.T882	47.12,47.12	FQCAESANQIDTETA_SAI	0.278204	0.22859	0.25889	0.162985	0.218559	0.118829	0.164558	0.255228	0.644748	0.448196	0.014034	-0.63319
Q13129_sPAEPQNSHNDQAK_S1_S3_1	Q13129	RLF	6018 rearranged L-myc fusion	5632.5634	49.92,49.92	QKGSFKPSPAIPEQ_GI'	0.216667	0.181949	0.194017	0.151694	0.1166839	0.106396	0.124977	0.197544	0.63265	0.711452	0.013124	-0.66052
Q13129_tSDISGSHFQEEHQEQ_S5_1	Q13129	RLF	6018 rearranged L-myc fusion	51272		ESKTSISFSGHSHR	0.132233	0.140452	0.154138	0.094014	0.126817	0.092451	0.104427	0.142274	0.733986	0.490748	0.047623	-0.44617
Q13131_dFLYATSPDFLDDHHLTRHPHER_S7_S11_1	Q13131	PKAA1	5562 protein kinase A-Myf-activated catalytic subunit alpha 1	5356.5360	44.68,44.68	KDFLYATSPDFLDDH.LA'	0.206277	0.221924	0.187619	0.159809	0.129114	0.103732	0.130885	0.205763	0.544883	0.013421	-0.64924	
Q13177_yLSFTFPEKDFGSPGTPALNAK_Y1_S3_T5_1	Q13177	PAK2	5062 p21 (RAC1) activated kinase 2	Y139.S141.T143	31.67,31.67,31.67	SMTYKQVLYSTPTFPE.TVI	0.152237	0.190238	0.196454	0.132654	0.128902	0.144026	0.135194	0.179643	0.752572	0.195355	0.037836	-0.4101
Q13188_klsEDSLTKQEPKDFVLELK_S3_1	Q13188	STK3	6788 serine/threonine kinase 3	5135		0.159393	0.152599	0.160021	0.101936	0.13057	0.117044	0.116617	0.157338	0.740551	0.152516	0.090011	-0.43333	
Q13188_nAtSPQVQPSFMDYDFK_T3_1	Q13188	STK3	6788 serine/threonine kinase 3	T384		0.262523	0.265886	0.20947	0.105908	0.118339	0.115663	0.113303	0.24596	0.460659	0.081981	0.020667	-1.1823	
Q13206_nSVEVDGPTSHNR_S3_1	Q13206	DDX10	1662 DEAD-box helicase 10	5831		0.189874	0.176438	0.218661	0.156193	0.152873	0.1163	0.141789	0.194991	0.727156	0.974189	0.040686	-0.45966	
Q13242_gsPHYSFPFRPY_S2_1	Q13242	SRSF9	8683 serine and arginine rich splicing factor 9	S211		0.148094	0.175132	0.163298	0.107713	0.137832	0.0988	0.114782	0.162175	0.707765	0.610274	0.028688	-0.49866	
Q13242_gsPHYSFPFRPY_S2_S7_2	Q13242	SRSF9	8683 serine and arginine rich splicing factor 9	Y211.S216	100:100	0.174368	0.158879	0.187902	0.122839	0.106136	0.079923	0.102966	0.173716	0.592727	0.621312	0.009287	-0.75456	
Q13242_gsPHYSFPFRPY_Y5_S7_2	Q13242	SRSF9	8683 serine and arginine rich splicing factor 9	Y214.S216	91.95,99.92	0.15172	0.158848	0.171576	0.114443	0.115409	0.073072	0.100975	0.160715	0.628285	0.295281	0.016782	-0.67051	
Q13247_dRDGYSYGs_S9_1	Q13247	SRSF6	6431 serine and arginine rich splicing factor 6	584		0.166129	0.196543	0.188256	0.130624	0.117988	0.121887	0.123503	0.183643	0.672519	0.289588	0.003596	-0.57235	
Q13283_gsPAPADIAQTQVEDLR_S3_1	Q13283	G3BP1	10146 G3BP stress granule assembly factor 1	S232		0.181794	0.187721	0.163634	0.103347	0.142624	0.122164	0.122528	0.177716	0.689461	0.579299	0.014865	-0.53646	
Q13303_rSLVITTK_S3_1	Q13303	KCNAB2	8514 potassium voltage-gated channel subfamily A regulatory 2	S112		0.160013	0.18606	0.165455	0.069547	0.111202	0.084792	0.088514	0.170509	0.519113	0.596486	0.004849	-0.94588	
Q13310_sgVGNVFK_S1_1	Q13310	PABPC4	8761 poly (A) binding protein cytoplasmic 4	596		0.164861	0.165756	0.166329	0.07875	0.11661	0.087506	0.094289	0.165649	0.569209	0.002782	0.042629	-0.81297	
Q13370_gLNRNLSPTQLR_S6_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	5432		0.201092	0.260946	0.235407	0.072217	0.114126	0.111997	0.099447	0.232482	0.447761	0.763687	0.003828	-1.22512	
Q13370_gSAEEKVPVIRPR_S2_S3_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	S279.S280	50:50	APLHFLRSLSSAAEKEV_PLI	0.180697	0.18471	0.202567	0.121286	0.147885	0.138026	0.135732	0.189325	0.71693	0.856924	0.006333	-0.4801
Q13370_rSscVLSGETAASYGScK_S3_S1_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	S295.S296	45.62,45.62	VTRPRRRSSCQVSLGE_IR	0.199487	0.19673	0.170104	0.137869	0.144318	0.112691	0.131626	0.188276	0.69277	0.970572	0.013146	-0.52021
Q13370_rSGTGLPVEQSSR_S3_S1_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	5441.S442	45.78,45.78	PTPQLRRSSGTSGLL_TF'	0.244432	0.247081	0.228106	0.089537	0.131258	0.100072	0.106956	0.239873	0.445885	0.366473	0.00061	-1.16526
Q13370_rSGTGLPVEQSSR_S3_S1_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	5442		0.276308	0.214409	0.28606	0.078519	0.108525	0.107805	0.098823	0.258926	0.37958	0.325074	0.00265	-1.39752	
Q13370_sSGTGLPVEQSSR_S1_S2_1	Q13370	PDE3B	5140 phosphodiesterase 3B	5441.S442	49.75,49.75	PTPQLRRSSGTSGLL_TF'	0.205351	0.195509	0.269904	0.157839	0.142939	0.135405	0.143904	0.222588	0.6532	0.16018	0.29538	-0.6144
Q13422_nHSAQDSAVENLLLSK_S4_S8_1	Q13422	IKZF1	10320 IKAROS family zinc finger 1	S364.S368	47.13,47.13	GPTRSRKSSQDSVAVE_SNI	0.181244	0.187278	0.143127	0.11924	0.134045	0.115849	0.123044	0.17055	0.721458	0.280845	0.033326	-0.47101
Q13425_gLGPSPAPPGRPAGEAGSPVRR_S6_S21_2	Q13425	SNTB2	6645 syntrophin beta 2	595.S110	100:100	SRGLGPPSPAPPGRG_PAI	0.168215	0.165373	0.148413	0.135599	0.090661	0.108761	0.111674	0.160667	0.695063	0.366354	0.02748	-0.52478
Q13427_eCNPNPQSPASYQR_S11_1	Q13427	PIIG	9360 peptidylprolyl isomerase G	5319		0.160806	0.162307	0.187298	0.04564	0.076156	0.063131	0.061642	0.170137	0.362309	0.971407	0.00919	-1.46471	
Q13427_eRKNPNSQSPASYQR_S9_1	Q13427	PIIG	9360 peptidylprolyl isomerase G	5315		0.171755	0.136137	0.190329	0.116556	0.124724	0.110158	0.117146	0.160174	0.705385	0.131339	0.040961	-1.03632	
Q13427_sELNEIKENQRSPV_S12_1	Q13427	PIIG	9360 peptidylprolyl isomerase G	S397		0.166743	0.192466	0.265177	0.10819	0.106455	0.087717	0.100787	0.208129	0.484255	0.094235	0.023693	-0.50456	
Q13428_kLGAEGGGAESVPEKSTTSK_S13_1	Q13428	TCOF1	6949 treacle ribosome biogenesis factor 1	S1378		0.174327	0.201207	0.194412	0.162792	0.125411	0.135689	0.141297	0.199682	0.743741	0.687526	0.204703	-0.42713	
Q13428_IDsSPSVSLLAAK_S3_1	Q13428	TCOF1	6949 treacle ribosome biogenesis factor 1	S1227		0.167727	0.19476	0.151201	0.064296	0.112923	0.116713	0.097977	0.178468	0.545934	0.804849	0.037542	-0.8732	
Q13428_IDsSPSVSLLAAK_S4_1	Q13428	TCOF1	6949 treacle ribosome biogenesis factor 1	S1228		0.189172	0.163071	0.182464	0.092566	0.099299	0.105502	0.099512	0.178236	0.556297	0.36685	0.00798	-0.84607	
Q13428_IDsSPSVSLLAAK_T10_1	Q13428	TCOF1	6949 treacle ribosome biogenesis factor 1	T1234		0.174672	0.163888	0.182972	0.133609	0.144092	0.094379	0.124027	0.173434	0.235302	0.36471	-0.48714		
Q13428_IDSPSVSLLAAKDDPQGEAKQPAQAAGmLSpK_S3	Q13428	TCOF1	6949 treacle ribosome biogenesis factor 1	S1257		0.140629	0.147826	0.139056	0.111709	0.101349	0.074049	0.095702	0.142571	0.67126	0.107518	0.015361	-0.57506	
Q13428_sPQVpKasTmGmGLPK_S1_1	Q13428	TCOF1	6949 treacle ribosome biogenesis factor 1	S503		0.168461	0.157297	0.144932	0.125617	0.125962	0.08588	0.112486	0.156975	0.71664	0.919137	0.010565	-0.48068	
Q13428_tQSPSSGDSAVGTLPLATSPQSTVQAK_S18_1	Q13428	TCOF1	6949 treacle ribosome biogenesis factor 1	S1111		0.208228	0.205811	0.144166	0.129157	0.111917	0.091302	0.110792	0.186068	0.959439	0.42825	0.033428	-0.74797	
Q13439_vPsvLESLR_S3_1	Q13439	GOLGA4	2803 golgin A4	5711		0.188081	0.237661	0.197082	0.06804	0.126237	0.10949	0.101255	0.206608	0.487724	0.874671	0.00994	-1.03586	
Q13442_mQsLNLK_S3_1	Q13442	PDP1	11333 PDGFA associated protein 1	S176		0.214249	0.241097	0.226944	0.023069	0.070792	0.047672	0.047177	0.22743	0.207437	0.481033	0.00038	-2.28624	
Q13442_rmQsLNLK_S4_1	Q13442	PDP1	11333 PDGFA associated protein 1	S176		0.308094	0.322407	0.291431	0.084415	0.088345	0.077466	0.083409	0.317103	0.172415	0.224229	1.92E-05	-1.88143	
Q13469_lSPGSYPTVIOQQNATSQR_S2_1	Q13469	NFATC2	4773 nuclear factor of activated T-cells 2	S856		0.168444	0.185215	0.229596	0.131856	0.142677	0.141394	0.138643	0.194418	0.713115	0.06765	0.039737	-0.48779	
Q13496_yNHSLENIK_S10_1	Q13496	MTM1	4534 myotubularin 1	518		0.194768	0.208325	0.279655	0.108914	0.07425	0.111178	0.098114	0.227583	0.431113	0.341615	0.011109	-1.21886	
Q13501_sSQPSScSDPSKPGGNVEGATQSLAEQMR_S2_S3_1	Q13501	SQSTM1	8878 sequestosome 1	S283.S284.S291	30.07,30.07,30.07	STTEKSSSQPSSc_SPT	0.138069	0.241878	0.221574	0.055464	0.110477	0.061017	0.075652	0.200507	0.377306	0.465117	0.02213	-1.40619
Q13501_sSQPSScSDPSKPGGNVEGATQSLAEQMR_S3_1	Q13501	SQSTM1	8878 sequestosome 1	S284		0.180191	0.243492	0.297009	0.076922	0.089355	0.078723	0.081667	0.256893	0.317896	0.069659	0.01286	-1.65337	
Q13501_sSQPSScSDPSKPGGNVEGATQSLAEQMR_S6_S7_1	Q13501	SQSTM1	8878 sequestosome 1	S288.S288	38.2,38.2	EKSSSQPSScSDPSK	0.157431	0.244732	0.220415	0.056204	0.111358	0.065601	0.074688	0.207526	0.359895	0.663851	0.013986	-1.47345
Q13501_sSQPSScSDPSKPGGNVEGATQSLAEQMR_T23_S1	Q13501	SQSTM1	8878 sequestosome 1	T304.S306	49.91,49.91	KGNVEGATQSLAEQMR_NVI	0.241545	0.262985										

Q14151_n1TLEtSSLNFK_T5_S6_S7_1	Q14151	SABF2	9667 scaffold attachment factor B2	T193.S194.S195	33.33,33.33,33.33	GFKNTLETSSLNFKV_FKI	0.205421	0.197295	0.203804	0.091443	0.144126	0.086144	0.107238	0.202173	0.530425	0.035372	0.033985	-0.91478	
Q14151_sEPVKEESSELOPQAAQDSSVGPDRK_S21_1	Q14151	SABF2	9667 scaffold attachment factor B2			88.3	FPAQDTSVSGVDKRL	0.18545	0.212397	0.242392	0.120706	0.149168	0.077896	0.115923	0.213413	0.543186	0.773313	0.202191	-0.88048
Q14151_dGSLASMPYSGDOLTK_S10_1	Q14157	UBAP2L	9898 ubiquitin associated protein 2 like			5859	SLAANDSPYSGDOLTKRF	0.26835	0.222928	0.22547	0.112545	0.12935	0.113348	0.118414	0.213413	0.945631	0.606263	0.021056	-1.02166
Q14157_gSTTGQSFQLEQFK_S3_1	Q14157	UBAP2L	9898 ubiquitin associated protein 2 like			5356	VLLGAKGTSVQSFQFL	0.211467	0.206762	0.171641	0.058353	0.15238	0.105017	0.10525	0.196624	0.535286	0.352935	0.037846	-0.90162
Q14157_tPmTNDGSSNDLPSQAPSLAQVLFVSNK_S3_1	Q14157	UBAP2L	9898 ubiquitin associated protein 2 like			5299	9898 VLLGAKGTSVQSFQFL	0.196492	0.214282	0.206855	0.084152	0.127182	0.104397	0.105244	0.208674	0.511198	0.29392	0.01017	-0.96804
Q14157_yPSiSSSQPKDLTQAK_S4_1	Q14157	UBAP2L	9898 ubiquitin associated protein 2 like			5604.5605	YPTSRVYSSiSSSQPKDLTQAK_S4_1	0.12799	0.16928	0.165282	0.083234	0.112286	0.119444	0.104488	0.154184	0.680626	0.828902	0.045831	-0.55443
Q14157_yPSiSSSQPKDLTQAK_S8_1	Q14157	UBAP2L	9898 ubiquitin associated protein 2 like			5609	YPTSRVYSSiSSSQPKDLTQAK_S8_1	0.139379	0.180176	0.177049	0.095255	0.119106	0.131581	0.115314	0.165534	0.696917	0.9759	0.041034	-0.52156
Q14166_sPGQTPEEGQAQALFAAHLGPALR_S1_S2_1	Q14166	TLL12	23170 tubulin tyrosine ligase like 12			515.516	RRRPAERSSPGQTPEEGQAQALFAAHLGPALR_S1_S2_1	0.176295	0.192264	0.199195	0.125029	0.121785	0.113135	0.119983	0.189251	0.633987	0.430309	0.008226	-0.65747
Q14166_sPGQTPEEGQAQALFAAHLGPALR_S2_1	Q14166	TLL12	23170 tubulin tyrosine ligase like 12			516.283	RRRPAERSSPGQTPEEGQAQALFAAHLGPALR_S2_1	0.162652	0.179585	0.18124	0.089782	0.126026	0.114846	0.110218	0.147965	0.616369	0.469623	0.00631	-0.66283
Q14289_nSLPQIMLNLAR_S2_1	Q14289	PTK2B	2185 protein tyrosine kinase 2 beta			5375	100 KDGEKRNLSLQPLMNLAR_S2_1	0.170281	0.190967	0.172064	0.093033	0.11	0.105425	0.102819	0.177771	0.578381	0.739326	0.108807	-0.78991
Q14289_rHsMREEDIQIPSSR_S3_1	Q14289	PTK2B	2185 protein tyrosine kinase 2 beta			5778	100 HNVFKRHSMREEDIQIPSSR_S3_1	0.253528	0.194408	0.173386	0.089175	0.118552	0.110758	0.106612	0.207108	0.515291	0.236537	0.060043	-0.96421
Q14289_nSLPQIMLNLAR_S3_1	Q14289	PTK2B	2185 protein tyrosine kinase 2 beta			5375	100 KDGEKRNLSLQPLMNLAR_S3_1	0.161126	0.189406	0.19044	0.098585	0.131718	0.130437	0.120246	0.180324	0.666835	0.879755	0.014272	-0.5846
Q14498_yRSYSGPK_Y1_1	Q14498	RBM39	9584 RNA binding motif protein 39			Y95	100 YRSYSGPK_Y1_1	0.142278	0.186253	0.161022	0.104216	0.136696	0.112484	0.117799	0.163184	0.721874	0.738286	0.047371	-0.47018
Q14498_yRSYSGPK_Y5_1	Q14498	RBM39	9584 RNA binding motif protein 39			Y99	100 YRSYSGPK_Y5_1	0.162695	0.187455	0.17813	0.099922	0.117771	0.119051	0.112248	0.176093	0.637435	0.848426	0.020552	-0.64965
Q14573_kQvFSAPSLASAGAAEPLDR_S3_1	Q14573	ITPR3	3710 inositol 1,4,5-trisphosphate receptor type 3			5934	100 kQvFSAPSLASAGAAEPLDR_S3_1	0.158444	0.229408	0.177241	0.05642	0.104832	0.075441	0.078897	0.188664	0.418855	0.611188	0.012672	-1.25548
Q14573_kQvFSAPSLASAGAAEPLDR_S6_1	Q14573	ITPR3	3710 inositol 1,4,5-trisphosphate receptor type 3			5934.5937	100 kQvFSAPSLASAGAAEPLDR_S6_1	0.170131	0.235511	0.18758	0.074295	0.107173	0.067068	0.082845	0.197741	0.418959	0.570076	0.007649	-1.25512
Q14596_sLQmTALFPEGLNEK_S1_1	Q14596	NBR1	4077 NBR1, autophagy cargo receptor			5673	100 sLQmTALFPEGLNEK_S1_1	0.151444	0.22119	0.157282	0.087611	0.124839	0.067366	0.093272	0.173542	0.537459	0.86636	0.034884	-0.89577
Q14653_sPLDNPTFPNLGSENPLKR_S1_1	Q14653	IRF3	3661 interferon regulatory factor 3			5173	100 sPLDNPTFPNLGSENPLKR_S1_1	0.190808	0.202505	0.186426	0.118368	0.137466	0.075916	0.110583	0.193246	0.572224	0.136147	0.011744	-0.80531
Q14653_sPLDNPTFPNLGSENPLKR_S3_1	Q14653	IRF3	3661 interferon regulatory factor 3			5175	100 sPLDNPTFPNLGSENPLKR_S3_1	0.126283	0.171573	0.15904	0.077389	0.111379	0.090346	0.093038	0.152299	0.610894	0.990642	0.24035	-0.71101
Q14669_rSEPAELPSLR_S4_1	Q14669	TRIP12	9320 thyroid hormone receptor interactor 12			5132	100 rSEPAELPSLR_S4_1	0.163252	0.135744	0.171412	0.101178	0.10989	0.117638	0.109569	0.156802	0.69877	0.325186	0.01065	-0.51711
Q14669_vHDFPSNGTGGsFLNLR_S13_1	Q14669	TRIP12	9320 thyroid hormone receptor interactor 12			5148	100 vHDFPSNGTGGsFLNLR_S13_1	0.194942	0.200352	0.214141	0.121059	0.138255	0.111693	0.123669	0.209263	0.699223	0.718516	0.012626	-0.71496
Q14669_vHDFPSNGTGGsFLNLR_S6_1	Q14669	TRIP12	9320 thyroid hormone receptor interactor 12			51241	100 vHDFPSNGTGGsFLNLR_S6_1	0.179534	0.145359	0.18078	0.094137	0.118773	0.109561	0.10749	0.168557	0.637707	0.554408	0.011043	-0.64903
Q14676_nRSvKTPETVPAPELQSTSDQPVPTEPSTR_S4_1	Q14676	MDC1	9656 mediator of DNA damage checkpoint 1			51467	100 nRSvKTPETVPAPELQSTSDQPVPTEPSTR_S4_1	0.168579	0.19982	0.188801	0.118401	0.127863	0.127266	0.12451	0.185566	0.670973	0.20224	0.035058	-0.57567
Q14676_nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S1_1	Q14676	MDC1	9656 mediator of DNA damage checkpoint 1			51192	100 nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S1_1	0.238969	0.250999	0.297076	0.144759	0.114269	0.161483	0.14947	0.262348	0.534291	0.75715	0.055447	-0.9043
Q14676_nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S2_1	Q14676	MDC1	9656 mediator of DNA damage checkpoint 1			51192	100 nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S2_1	0.264834	0.239783	0.290939	0.158673	0.129679	0.191493	0.159048	0.265185	0.603126	0.812446	0.010884	-0.7294
Q14676_nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S5_S1_1	Q14676	MDC1	9656 mediator of DNA damage checkpoint 1			51563.S1564	100 nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S5_S1_1	0.240988	0.281006	0.345727	0.084703	0.099911	0.112898	0.099171	0.28924	0.342865	0.1331	0.0384	-1.54429
Q14676_nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S5_S1_1	Q14676	MDC1	9656 mediator of DNA damage checkpoint 1			51563.S1564	100 nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S5_S1_1	0.19634	0.220215	0.234414	0.120569	0.099095	0.105318	0.108327	0.24629	0.342865	0.1331	0.0384	-1.54429
Q14676_nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S5_T8_1	Q14676	MDC1	9656 mediator of DNA damage checkpoint 1			51564.T1567	100 nRSvKTPETVPALELPSTDRPVTEPSTOATR_S5_T8_1	0.256659	0.262942	0.253685	0.111505	0.116457	0.135449	0.121137	0.257762	0.469956	0.24533	0.21E-05	-1.0894
Q14684_gsTGGQAQLK_S2_T4_1	Q14684	RBP18	23076 ribosomal RNA processing 1B			5513.T515	100 gsTGGQAQLK_S2_T4_1	0.178931	0.218355	0.221374	0.110258	0.119692	0.119422	0.116458	0.20622	0.564726	0.097828	0.030726	-0.82438
Q14738_rksELPQDVTIK_S3_1	Q14738	PPP2R5D	5528 protein phosphatase 2 regulatory subunit B/delta			5573	100 rksELPQDVTIK_S3_1	0.145295	0.145305	0.194884	0.076524	0.102648	0.081017	0.08473	0.161861	0.523472	0.491825	0.015548	-0.93382
Q14847_mPGSGEGEmEPERRDsQDGSYSR_S16_1	Q14847	LASP1	3927 LIM and SH3 protein 1			5146	100 mPGSGEGEmEPERRDsQDGSYSR_S16_1	0.182905	0.200422	0.225543	0.110969	0.12805	0.091835	0.110805	0.202957	0.54339	0.833543	0.004623	-0.87994
Q14847_mPGSGEGEmEPERRDsQDGSYSR_S16_Y22_1	Q14847	LASP1	3927 LIM and SH3 protein 1			5146.Y152	100 mPGSGEGEmEPERRDsQDGSYSR_S16_Y22_1	0.197634	0.2201	0.205265	0.106287	0.113376	0.064048	0.080267	0.194873	0.410714	0.90763	0.009754	-1.28379
Q14938_sITSPSTSTTK_S1_1	Q14938	NFIX	4784 nuclear factor I X			5265	100 sITSPSTSTTK_S1_1	0.220642	0.179811	0.211452	0.10596	0.115716	0.136841	0.119505	0.203699	0.585903	0.703934	0.005335	-0.77127
Q14966_eQsLHYGSLVLLITLEDGTEEDVRK_S3_1	Q14966	ZNF638	27332 zinc finger protein 638			5671	100 eQsLHYGSLVLLITLEDGTEEDVRK_S3_1	0.160745	0.239149	0.235202	0.116031	0.140169	0.062542	0.106247	0.211699	0.501188	0.894368	0.037133	-0.99459
Q14966_nSQSADPIRSPFVG_S12_1	Q14966	ZNF638	27332 zinc finger protein 638			5383	100 nSQSADPIRSPFVG_S12_1	0.163952	0.198403	0.156698	0.078471	0.115234	0.10525	0.099652	0.173018	0.575962	0.842535	0.022661	-0.79595
Q14846_rSvSDSSV_S3_1	Q14846	GAPVD1	9202 GAPase activating protein and VPS9 domains 1			5902	100 rSvSDSSV_S3_1	0.195281	0.149968	0.166548	0.112386	0.127244	0.127098	0.122243	0.170599	0.716549	0.243509	0.026692	-0.48086
Q15003_kAPNLNPGVPLEDQNDDEKER_T9_1	Q15003	NCAHP	23397 non-SMC condensin I complex subunit H			749	100 kAPNLNPGVPLEDQNDDEKER_T9_1	0.177832	0.216718	0.192582	0.094746	0.116459	0.087138	0.099448	0.19571	0.508137	0.750588	0.025654	-0.97671
Q15003_rVFDLQSTDSR_S1_1	Q15003	NCAHP	23397 non-SMC condensin I complex subunit H			750	100 rVFDLQSTDSR_S1_1	0.229392	0.236816	0.181859	0.109583	0.143864	0.125574	0.139808	0.216201	0.646653	0.305014	0.015243	-0.62894
Q15021_kPSTGKQPLASTASNDVFPPEPR_Y8_1	Q15021	NCAPD2	9918 non-SMC condensin I complex subunit D2			Y1325	100 kPSTGKQPLASTASNDVFPPEPR_Y8_1	0.196384	0.166961	0.180052	0.139397	0.11068	0.130498	0.125049	0.181132	0.690374	0.841591	0.07411	-0.53455
Q15032_s5FSGSLVTR_S3_1	Q15032	R3HDM1	23518 R3H domain containing 1			5381	100 s5FSGSLVTR_S3_1	0.130554	0.160937	0.148163	0.064702	0.100666	0.081837	0.082402	0.146551	0.562272	0.836651	0.009235	-0.83066
Q15042_kTASADVNTNYPGDAGK_S3_1	Q15042	RAB3GAP1	22930 RAB3 GTPase activating protein catalytic subunit 1			5537	100 kTASADVNTNYPGDAGK_S3_1	0.228813	0.202501	0.225999	0.145495	0.152395	0.160168	0.152866	0.219104	0.696865	0.410385	0.00208	-0.52105
Q15042_kTASADVNTNYPGDAGK_S5_S1_1	Q15042	RAB3GAP1	22930 RAB3 GTPase activating protein catalytic subunit 1			5537.5539	100 kTASADVNTNYPGDAGK_S5_S1_1	0.162222	0.207701	0.185692	0.104722	0.139529	0.114194	0.119482	0.182505	0.665132	0.770047	0.011724	-0.63233
Q15052_kDiPQVLLPEEK_S3_1	Q15052	ARHGEF6	9459 Rac/Cdc42 guanine nucleotide exchange factor 6			5684	100 kDiPQVLLPEEK_S3_1	0.167847	0.224212	0.186493	0.074379	0.137494	0.069858	0.09391	0.192851	0.486958	0.731549	0.02257	-1.03813
Q15052_kDiPQVLLPEEKIEETR_S3_1	Q15052	ARHGEF6	9459																

Q15691_kPLtSSAAPQRPIQR_S5_S6_1	Q15691	MAPRE1	22919	microtubule associated protein RP/EB family member 1	S155.S156	45.41;45.41	KPKKPLTSSSAAPQR.PKI	0.317879	0.33241	0.343547	0.707556	0.113452	0.085699	0.089902	0.331279	0.271379	0.518573	7.83E-05	-1.88162
Q15691_kPLtSSAAPQRPIQR_T4_S15_T16_2	Q15691	MAPRE1	22919	microtubule associated protein RP/EB family member 1	T154.S165.T166	94.17;50.50	NKPKPLTSSSAAPQR.AAI	0.333729	0.258126	0.260559	0.155051	0.112973	0.091017	0.11968	0.284138	0.421204	0.729034	0.006149	-1.24741
Q15696_dVtLSPDRTPSSFGK_S5_1	Q15696	ZRSR2	8233	zinc finger CCH2-type, RNA binding motif and serine/arg 5349			ANRDIYLPDRTPSSG	0.191579	0.176338	0.21684	0.115978	0.090057	0.064809	0.090281	0.194919	0.463173	0.779942	0.005215	-1.11038
Q15696_dVtLSPDRTPSSFGK_Y3_S5_1	Q15696	ZRSR2	8233	zinc finger CCH2-type, RNA binding motif and serine/arg 5349		50;50	ANRDIYLPDRTPSSG.ANI	0.166706	0.227729	0.193529	0.070209	0.109586	0.069312	0.082976	0.195988	0.423371	0.724387	0.006929	-1.24001
Q15696_nPNNFEANRDVtLSPDRTPSSFGK_S16_1	Q15696	ZRSR2	8233	zinc finger CCH2-type, RNA binding motif and serine/arg 5349			ANRDIYLPDRTPSSG	0.158108	0.207514	0.160832	0.036273	0.111606	0.086939	0.098273	0.175485	0.560008	0.334888	0.011747	-0.83648
Q15742_rSvKVEAEASR_S3_1	Q15742	NAB2	4665	NGF1-A binding protein 2			LVEGRSSVVKVEAEASR	0.138084	0.210784	0.188509	0.063155	0.089952	0.060181	0.071096	0.179126	0.396905	0.324686	0.010048	-1.33313
Q15811_aQsFDVAVPPVAVWAVPQSSR_S3_1	Q15811	ITSN1	6453	intersectin 1			TKLQKQSSVVKVEAEASR	0.199183	0.213384	0.162597	0.058571	0.093321	0.078003	0.076232	0.191721	0.396711	0.611155	0.00313	-1.33055
Q15910_gRLPNNSSRPSTPTINVLESK_S11_1	Q15910	EZH2	2146	enhancer of zeste 2 polycomb repressive complex 2 subunit 5367			PNNSSRPSTPTINVL	0.234735	0.183455	0.249467	0.118989	0.101574	0.115873	0.112445	0.222552	0.503904	0.134028	0.005963	-0.98878
Q15910_gRLPNNSSRPSTPTINVLESK_T12_1	Q15910	EZH2	2146	enhancer of zeste 2 polycomb repressive complex 2 subunit 5367			PNNSSRPSTPTINVL	0.199873	0.223456	0.22686	0.107929	0.134709	0.132189	0.124942	0.246229	0.517649	0.993859	0.010588	-0.79463
Q15910_IPNNSRPSTPTINVLESK_S5_S6_S9_T10_2	Q15910	EZH2	2146	enhancer of zeste 2 polycomb repressive complex 2 subunit 5362.5363.5366.T3	50;50;49.29;49.3		GRCLPNNSSRPSTPTT.GR	0.214571	0.225519	0.238102	0.138145	0.134591	0.081774	0.11817	0.226064	0.522728	0.242447	0.005169	-0.93587
Q15910_IPNNSRPSTPTINVLESK_S5_T10_2	Q15910	EZH2	2146	enhancer of zeste 2 polycomb repressive complex 2 subunit 5362.T367	87.72;78.41		GRCLPNNSSRPSTPTT.NN	0.350476	0.291905	0.27765	0.235872	0.186046	0.153986	0.191968	0.306677	0.625962	0.933256	0.024527	-0.67585
Q15942_fSPGAPGSSGQPNQK_S2_1	Q15942	ZYX	7791	zyxin			TPVASKFSPGAPGSSG	0.187587	0.158524	0.245411	0.115816	0.12743	0.087028	0.110091	0.191774	0.558346	0.362216	0.036718	-0.84077
Q15942_fSPGAPGSSGQPNQK_S9_1	Q15942	ZYX	7791	zyxin			SPGAPGSSGQPNQK	0.206832	0.201466	0.253131	0.103024	0.121018	0.114451	0.112831	0.220476	0.511761	0.186361	0.003341	-0.96646
Q15942_gPPASSPAPKfSPVTK_S14_1	Q15942	ZYX	7791	zyxin			PAPAKfSPVTKfKFT	0.154951	0.177961	0.159915	0.106656	0.136836	0.097797	0.113763	0.164276	0.692512	0.518551	0.012121	-0.53009
Q15942_vSIDIELSLLDDmT_K5_S3_1	Q15942	ZYX	7791	zyxin		50;50	PQPRKVVSSIDLEID.CPI	0.216792	0.252581	0.190035	0.062238	0.128769	0.045968	0.078992	0.219803	0.359375	0.677	0.100644	-1.47644
Q16513_sLPSENVSAVQK_S5_1	Q16513	PKN2	5586	protein kinase N2			DSRSLPFSENVSAVQ	0.238803	0.234664	0.254826	0.07155	0.092382	0.06943	0.077788	0.242765	0.320424	0.826895	6.62E-05	-1.64195
Q16594_IVSGVTSRPSfPTLGTPTQTMVSTK_T5_S12_2	Q16594	TA9	6880	TATA-box binding protein associated factor 9	S152.T159	84.92;78.2	VPRLSVGVTSRPSfPT.SV	0.180317	0.153341	0.183211	0.130772	0.129717	0.091773	0.117421	0.172729	0.68153	0.709483	0.02639	-0.55315
Q16799_gSiEDELTAIK_S4_1	Q16799	RTN1	6252	reticulon 1			SQKGSIEDELTAIK	0.208123	0.143738	0.155534	0.104139	0.091623	0.121749	0.105837	0.169132	0.625765	0.326261	0.042995	-0.67631
Q1M1S5_IQRPPSVDAISR_S6_1	Q1M1S5	CSPP1	79848	centrosome and spindle pole associated protein 1			Q195863.0249246	0.195863	0.249246	0.180158	0.064212	0.116848	0.091072	0.090711	0.208422	0.643527	0.691239	0.010386	-1.20016
Q1M1S5_QSPfPVALQNK_S3_1	Q1M1S5	CSPP1	79848	centrosome and spindle pole associated protein 1			TKHMRFQSPfPVALQ	0.210934	0.210254	0.195773	0.15473	0.11293	0.1077	0.12512	0.206564	0.608403	0.198811	0.006812	-0.7169
Q2KHT3_sRsvWVGGGHGK_S3_1	Q2KHT3	CLEC16A	23274	C-type lectin domain family 16 member A			MFGRSSRsvWVGGGHG	0.240209	0.243711	0.203081	0.165816	0.163971	0.119584	0.14979	0.229656	0.652378	0.870861	0.016561	-0.61622
Q2M123_rEnSLPEfPmGTLfHTfVLELDPNK_S4_1	Q2M123	ARHGAP31	57514	Rho GTPase activating protein 31			KRERRENSLPEfVFP	0.166998	0.256124	0.182739	0.060433	0.10682	0.101985	0.062638	0.201953	0.308822	0.911222	0.01946	-1.69515
Q2M218_tSQQNVYSPDGSTWfNPfDDDNfSK_T1_S2_1	Q2M218	AAK1	22848	AP2 associated kinase 1	T68L.S682	50;50	TPSGKTSQfSQNVY.NP	0.26123	0.285395	0.207806	0.077757	0.159024	0.080643	0.062080	0.251477	0.402747	0.851527	0.0143	-1.24897
Q2NWX8_rGSfVEELfTNSfLGMfEK_S4_1	Q2NWX8	ERC6G	54821	ERCC exon binding partner 6 like, spindle assembly checkpoint			TLfPKGfGSfVEELCTN	0.175945	0.170685	0.182558	0.103837	0.146502	0.126834	0.125724	0.176396	0.712738	0.144055	0.006668	-0.48856
Q32M24_nmPGLSAATLASfGGTSr_S18_1	Q32M24	LRRF1P1	9208	LRR binding FLI1 interacting protein 1			Q252042	0.252042	0.22167	0.240823	0.110318	0.123425	0.094157	0.1093	0.238473	0.458899	0.953556	0.001683	-1.12375
Q32M24_nmPGLSAATLASfGGTSr_T16_S17_S18_1	Q32M24	LRRF1P1	9208	LRR binding FLI1 interacting protein 1	T114.S115.S116	30.81;30.81;30.81	TLASfGGTSrRRGGS.LAI	0.22399	0.222425	0.233921	0.099055	0.124498	0.126953	0.116986	0.226779	0.515857	0.288443	0.003171	-0.95496
Q32M24_LRRF1P1	Q32M24	LRRF1P1	9208	LRR binding FLI1 interacting protein 1			Q198216	0.198216	0.216981	0.272115	0.148166	0.155929	0.10881	0.137635	0.216024	0.600753	0.609911	0.026151	-0.73516
Q3KQU3_rSOPSPfTAVPASPDPPTK_S2_1	Q3KQU3	MAP7D1	55700	MAP7 domain containing 1			Q148699	0.148699	0.190539	0.173295	0.070477	0.13322	0.078125	0.099481	0.170844	0.549862	0.459164	0.029499	-0.86286
Q3KQU3_rSOPSPfTAVPASPDPPTK_S6_1	Q3KQU3	MAP7D1	55700	MAP7 domain containing 1			Q213231	0.213231	0.198917	0.142789	0.126269	0.142583	0.121103	0.129853	0.218631	0.955409	0.40146	0.062624	-0.74805
Q3KQU3_rSOPSPfTAVPASPDPPTK_T8_1	Q3KQU3	MAP7D1	55700	MAP7 domain containing 1			Q169451	0.169451	0.188339	0.199765	0.079439	0.127008	0.095031	0.100559	0.188552	0.541073	0.566259	0.006816	-0.8861
Q3KQU3_rSOPSPfTAVPASPDPPTK_QKV_S2_1	Q3KQU3	MAP7D1	55700	MAP7 domain containing 1			Q183297	0.183297	0.200373	0.209531	0.126556	0.136358	0.142419	0.135111	0.197734	0.683299	0.530974	0.002214	-0.54941
Q3KQU3_rSOPSPfTAVPASPDPPTK_QKV_S3_1	Q3KQU3	MAP7D1	55700	MAP7 domain containing 1			Q165451	0.165451	0.185285	0.177298	0.110727	0.123525	0.117817	0.117356	0.176011	0.666753	0.584319	0.00102	-0.58477
Q3KQU3_sASfSAPfCVSR_S3_1	Q3KQU3	MAP7D1	55700	MAP7 domain containing 1			Q189302	0.189302	0.157743	0.176234	0.100543	0.127396	0.110678	0.112872	0.174262	0.65843	0.824467	0.008636	-0.6029
Q3M16_qksLDGLQfLR_S3_1	Q3M16	TBC1D25	4943	TBC1 domain family member 25			Q180266	0.180266	0.167778	0.16037	0.092112	0.1401	0.114972	0.121428	0.169471	0.716511	0.545246	0.142439	-0.48094
Q3V672_qksLTfDR_S3_1	Q3V672	CDC88A	55704	coiled-coil domain containing 88A			Q212136	0.212136	0.173555	0.286432	0.128856	0.100096	0.147427	0.12546	0.22701	0.52405	0.300966	0.055476	-0.85611
Q3V672_rfSHfDLfTK_T2_S3_1	Q3V672	CDC88A	55704	coiled-coil domain containing 88A	T1819.S1820	50;50	VEGfTLRRfSHfDLfTK	0.262354	0.226231	0.212278	0.078839	0.085028	0.079594	0.081154	0.234016	0.346786	0.031948	0.009013	-1.52788
Q3V672_sVgkTfPGDfYDRR_S1_S3_1	Q3V672	CDC88A	55704	coiled-coil domain containing 88A	S1734.S1736	49.77;49.77	ASGfTRfTSfVgkTfPGDfYDRR	0.212461	0.231103	0.159587	0.09232	0.10662	0.123576	0.105505	0.20105	0.52477	0.319772	0.014995	-0.93024
Q3V672_sVgkTfPGDfYDRR_T6_1	Q3V672	CDC88A	55704	coiled-coil domain containing 88A	T1739		ARCSVgkTfPGDfYDRR	0.210659	0.20386	0.143243	0.089012	0.106774	0.107629	0.101138	0.185921	0.543985	0.148469	0.018993	-0.87836
Q4ADV7_rfLMSfPSPfGSGK_S6_S1_1	Q4ADV7	RIC1	57589	RIC1 homolog, RAB6A GEF complex partner 1	S10037.S1040	47.34;47.34	FSfLQfLrSfMfPSPfGSGK	0.215223	0.218542	0.200033	0.126833	0.141207	0.135864	0.134485	0.212161	0.636566	0.733188	0.008429	-0.65162
Q4ADV7_rfLMSfPSPfGSGK_T1_S3_1	Q4ADV7	RIC1	57589	RIC1 homolog, RAB6A GEF complex partner 1	T1035.S1037	49.99;49.99	SKfTLQfLrSfMfPSPfGSGK	0.255357	0.258935	0.185461	0.081817	0.110471	0.076663	0.08965	0.233251	0.384351	0.324016	0.002341	-1.3795
Q4KMP7_rALAGADsPKfTEARsPAPGfTPTGfPTR_T10_1	Q4KMP7	TBC1D10B	26000	TBC1 domain family member 10B			Q187286	0.187286	0.202006	0.199863	0.156277	0.160646	0.112977	0.1433	0.196385	0.729689	0.166936	0.028824	-0.45465
Q4KMP7_rQPfLPSfLSLPLGK_S10_1	Q4KMP7	TBC1D10B	26000	TBC1 domain family member 10B			Q297735	0.297735	0.269727	0.221225	0.091462	0.138903	0.1042	0.11522	0.262896	0.442205	0.573579	0.004624	-1.23716
Q4KMP7_rPSRfTAPfLAKfPLAPkPVTfVASfVTAR_S3_1	Q4KMP7	TBC1D10B	26000	TBC1 domain family member 10B			Q106849	0.106849	0.199735	0.237252	0.141547	0.147175	0.156089	0.114827	0.214612	0.690874	0.538185	0.005648	-0.5335
Q4L180_rfSDfPQVfSK_S3_1	Q4L180	FILIP1L	11259	FILIP1 interacting protein 1 like 1			Q100138	0.100138	0.1231029	0.186936	0.084772	0.122232	0.102475	0.10316	0.195196	0.528494	0.499033	0.31466	-0.92004
Q4V328_rSLSfSPfAQfPAPfALSfDEVAfELfQR_S3_S5_1	Q4V328	GRIPAP1	56850	GRIP1 associated protein 1			Q158491	0.158491	0.164625	0.163412	0.111316	0.107993	0.114649	0.111026	0.162176	0.684603	0.876153	0.546E-05	-0.54666
Q4V328_rSLSfSPfAQfPAPfALSfDEVAfELfQR_S5_1	Q4V328	GRIPAP1	56850	GRIP1 associated protein 1			Q153986	0.153986	0.184932	0.171431	0.103927	0.138328	0.119641	0.120632	0.170116	0.709116	0.895899	0.02088	-0.49591
Q53E16_rfVfSGDGGR_S4_1	Q53E16	PDCD4	27250	programmed cell death 4			Q168857	0.168857	0.139085	0.183257	0.115754	0.113045	0.126836	0.118545	0.163733	0.724016	0.910397	0.029799	-0.46591
Q53E16_sGLfVTPfSfK_S8_1	Q53E16	PDCD4	27250	programmed cell death 4			Q157046	0.157046	0.147658	0.192073	0.075334	0.115098	0.110505	0.100313	0.165592	0.605781	0.926796	0.420451	-0.72313
Q53E70_qfSPTfmsfTfLSSfTGfVPLDfTS																			

Q5QJ66_sLsEiNKPNFYNNDDDDFSHR_S3_1	Q5QJ66	DNTTIP2	30836	deoxynucleotidyltransferase terminal interacting protein 5253					99.89	HLQARSLSEiNKPNF	0.188671	0.172969	0.169949	0.098505	0.122199	0.097341	0.106015	0.177196	0.598291	0.678508	0.002031	-0.74108
Q5QP82_t1t5SDLITSSSSGPR_S3_1	Q5QP82	DCAF10	79269	DBD1 and CUL4 associated factor 10					76.84	LRARRTSSSDLTTS	0.178172	0.259474	0.238676	0.079351	0.142366	0.135669	0.119129	0.225441	0.528426	0.803486	0.027988	-0.92023
Q5T011_t7t5ESSA5PFR_S3_1	Q5T011	SZT2	23334	seizure threshold 2 homolog					84.63	PQHRRSTSSGSAFFP	0.143114	0.151774	0.176871	0.091997	0.113342	0.114503	0.106614	0.157253	0.677977	0.686264	0.015419	-0.56069
Q5T1R4_s5vGLcAEASAR_S3_1	Q5T1R4	HIVEP3	59269	human immunodeficiency virus type 1 enhancer binding					83.19	PLDRSSTVGGCLAE	0.188958	0.177368	0.177674	0.106421	0.125284	0.109258	0.113654	0.181333	0.62677	0.59324	0.000641	-0.67399
Q5T1Z8_hRWPGDNIHAEHQVLR_T5_1	Q5T1Z8	PUM1	9698	pumilio RNA binding family member 1					100	N8KHRRPTVGCNIAE	0.24397	0.188203	0.177999	0.126974	0.104564	0.098973	0.11017	0.203933	0.541669	0.96261	0.013739	-0.88452
Q5T1Z8_rDbLUGSSDLLQ3_1	Q5T1Z8	PUM1	9698	pumilio RNA binding family member 1					87.74	GGGRRRDLSGSSDL	0.183495	0.226893	0.219018	0.078488	0.097726	0.068695	0.081636	0.209802	0.389112	0.579621	0.001268	-1.36174
Q5T200_dRkTASVPSLLDQQR_T4_S5_1	Q5T200	ZC3H13	23091	zinc finger CCHC-type containing 13			50:50			AKSKRRKSLVSSPFL	0.236747	0.270754	0.161736	0.097753	0.127963	0.098827	0.108181	0.230870	0.448495	0.172551	0.027017	-1.04411
Q5T200_gPRPITTK_T4_1	Q5T200	ZC3H13	23091	zinc finger CCHC-type containing 13					100	KKKKRPTPTTITTK	0.165889	0.186125	0.19097	0.132528	0.131126	0.124936	0.12953	0.180995	0.715657	0.168865	0.003042	-0.48266
Q5T200_kLsPSP3LR_S1_1	Q5T200	ZC3H13	23091	zinc finger CCHC-type containing 13					72.87	VSPTEV006691	0.221532	0.200691	0.228086	0.168548	0.160755	0.144706	0.158003	0.216077	0.728899	0.883734	0.00561	-0.45621
Q5T200_kLsPSP3LR_S4_1	Q5T200	ZC3H13	23091	zinc finger CCHC-type containing 13					90.09	EVMSRKLSPSP3LR	0.165181	0.217558	0.17762	0.114167	0.154074	0.105273	0.124505	0.186786	0.665663	0.948517	0.046008	-0.58519
Q5T200_kLsPTDkPLDQV_S3_1	Q5TSC0	STX8P5	134957	synactin binding protein 5						AKVSRKLSLPTDLRK	0.17455	0.176201	0.189915	0.099592	0.101668	0.088325	0.096533	0.180222	0.535631	0.840882	0.001907	-0.90609
Q5T5Y3_aPVHVEPLSPVTGAVGHR_S10_T12_1	Q5T5Y3	CAMSAP1	157922	calmodulin regulated spectrin associated protein 1			50:50			VHFVEPLSPTGVAGH	0.135186	0.171191	0.146833	0.078798	0.099577	0.079607	0.085994	0.15107	0.569231	0.581994	0.006671	-0.81291
Q5T5Y3_sIQGEDIPDQR_S1_1	Q5T5Y3	CAMSAP1	157922	calmodulin regulated spectrin associated protein 1					100	LRQKQKSIQGEDIP	0.16315	0.177016	0.222419	0.122429	0.127478	0.137926	0.129278	0.187528	0.689377	0.122059	0.034396	-0.53663
Q5T5Y3_rPQASQPTFAlHHAAscEVDPSGDSISLAR_S17_1	Q5T5Y3	CAMSAP1	157922	calmodulin regulated spectrin associated protein 1					99.96	FAlHHAAscEVDPRR	0.177129	0.202048	0.22914	0.101002	0.119081	0.105957	0.106868	0.202772	0.53597	0.228493	0.004138	-0.89978
Q5TxC8_ITVQAsPNLdk_S6_1	Q5TxC8	MAP3K21	84451	mitogen-activated protein kinase kinase 21					100	HKITVQASPNLdk	0.174755	0.221753	0.14646	0.073971	0.126841	0.082829	0.094547	0.180899	0.522389	0.713275	0.03426	-0.9368
Q5TGY3_kAsGTAGPPTSAIPAQR_S3_1	Q5TGY3	AHDC1	27245	AT-hook DNA binding motif containing 1					100	RPESRKASGTAGP	0.226563	0.244901	0.248533	0.108828	0.113702	0.121999	0.114843	0.239999	0.478514	0.484555	8.87E-05	-1.06337
Q5VSL9_aAsPPASADLIEQQQK_S3_1	Q5VSL9	STRIP1	85369	striatin interacting protein 1					100	IRNMRAAsPPASADL	0.170095	0.167157	0.167367	0.125422	0.133881	0.115449	0.124918	0.168206	0.742646	0.061173	0.003123	-0.42925
Q5VT52_dAPHLTPVdLNSPFTK_S8_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2					100	DAPHTLPSVdLNSP	0.223039	0.219591	0.223691	0.074828	0.084469	0.08657	0.081956	0.220894	0.371019	0.639518	5.9E-06	-1.43044
Q5VT52_nTGVSPASRPSPGTPTSPNSLTLGK_S11_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2					76.32	VSPASRPSPGTPTSP	0.183071	0.211241	0.177637	0.074931	0.117	0.142948	0.111626	0.19605	0.585505	0.432816	0.024236	-0.77225
Q5VT52_nTGVSPASRPSPGTPTSPNSLTLGK_S17_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2					81.88	PSPTGPTSPNSLTLG	0.177781	0.189473	0.179472	0.075227	0.113584	0.14146	0.110091	0.182242	0.604089	0.069703	0.020983	-0.72717
Q5VT52_nTGVSPASRPSPGTPTSPNSLTLGK_S5_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2					82.74	VKMNTGVSPNSLTLG	0.224971	0.203886	0.177142	0.097248	0.128638	0.136266	0.120717	0.202	0.597161	0.853407	0.011273	-0.74272
Q5VT52_nTGVSPASRPSPGTPTSPNSLTLGK_S8_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2					48.54	NITGVSPASRPSPGT	0.155268	0.165521	0.141801	0.095184	0.084776	0.118459	0.099473	0.154197	0.645103	0.644829	0.010625	-0.6324
Q5VT52_rmsGEPiQTVEsIR_S3_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2					100	SANRMSGEPiQTVE	0.227759	0.291876	0.294812	0.093565	0.105253	0.106725	0.101848	0.271482	0.375154	0.069889	0.019659	-1.41444
Q5VT52_rmsGEPiQTVEsIR_VK_S3_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2					100	SANRMSGEPiQTVE	0.196531	0.188897	0.168627	0.114311	0.130611	0.112106	0.11901	0.184685	0.644393	0.658847	0.002958	-0.63399
Q5VT52_sGTPQDDEMMDkPTSSVDTMSLLSK_S1_T3_1	Q5VT52	RPRD2	23248	regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 2			44.64,44.64			TVPRDDEMMDkPTSS	0.179459	0.186934	0.168457	0.138733	0.139856	0.123342	0.139777	0.182788	0.751486	0.992754	0.004234	-0.41218
Q5VTR2_sGALLQsGSTEDPKDPAELKDPDSEDLSSQSSAK_S3	Q5VTR2	RNF20	56254	ring finger protein 20					60.64	ALLQsGSTEDPKDPA	0.14112	0.181528	0.199246	0.069808	0.133017	0.098872	0.102065	0.173965	0.576355	0.926226	0.034423	-0.79497
Q5VU92_kAPAVeADAEsPQLGAADGEGPPLLKR_S12_1	Q5VU92	DCAF12L1	139170	DBD1 and CUL4 associated factor 12 like 1					84.54	VEADAEsPQLGAADG	0.192782	0.17187	0.193992	0.151573	0.128582	0.142449	0.140688	0.186214	0.756483	0.928384	0.09863	-0.40262
Q5VUA4_dIsPEKFDLGGPPGVPEPPQLDlQcK_S3_1	Q5VUA4	ZNF318	24149	zinc finger protein 318					87.51	SPTSRDlSPEKFDL	0.160885	0.222183	0.249428	0.122271	0.132067	0.091437	0.115258	0.213322	0.540531	0.415564	0.021809	-0.88755
Q5VUA4_eAHSHNTLSEVSHPHPPSPVDVPLLTk_S9_S13_2	Q5VUA4	ZNF318	24149	zinc finger protein 318			81.97,94.25			IRNMRTSHSEVSHPH	0.211608	0.227868	0.200529	0.190939	0.135579	0.151371	0.129496	0.213426	0.746377	0.041476	-0.42202	
Q5VUA4_hTDFLPHERASQDGsGFP_S12_1	Q5VUA4	ZNF318	24149	zinc finger protein 318					50.01	hTDFLPHERASQDG	0.193778	0.178843	0.165524	0.143252	0.130147	0.102288	0.125229	0.193808	0.698102	0.627171	0.020568	-0.51849
Q5VUA4_sDSTSSPNSASQELHQDEGLVAAPVINSKPIA_S10	Q5VUA4	ZNF318	24149	zinc finger protein 318			51616.51620.51621.28.93;28.93;28.93			SSTSSPNSASQELHQ	0.129156	0.159535	0.181134	0.112838	0.122117	0.101773	0.112243	0.160935	0.715796	0.623252	0.04966	-0.48238
Q5VW41_gHGKsKDDPQLQIEQR_S5_1	Q5VW41	ARHGFE16	27237	Rho guanine nucleotide exchange factor 16					100	RKRHGKsKDDPQLQ	0.153817	0.162363	0.159326	0.13583	0.103672	0.115384	0.118296	0.158502	0.746335	0.13322	0.014437	-0.42211
Q5VWC4_nAMGASQATk_S5_1	Q5VWC4	PSMD4	5710	proteasome 26S subunit, non-ATPase 4					100	IRNAMGASQATk	0.193368	0.18329	0.175707	0.133104	0.128447	0.078288	0.11328	0.184121	0.615245	0.156646	0.011904	-0.70077
Q5VWJ9_sFGDKDLPNGGTPAGTSSPASSSLLNR_S1_1	Q5VWJ9	SNX30	401548	sorting nexin family member 30					100	PLDLMARsFGDKDLP	0.229587	0.198635	0.293063	0.151653	0.141221	0.156421	0.149765	0.240429	0.622909	0.050833	0.032268	-0.68291
Q5VZ89_rSlylYgAK_S3_1	Q5VZ89	DENN24C	55667	DENN domain containing 4C					100	DLRNLKslylYgAK	0.250482	0.225675	0.216949	0.081208	0.107118	0.084898	0.091074	0.230325	0.394202	0.787186	0.000409	-1.34299
Q5VZ89_rSlylYgAK_T2_1	Q5VZ89	DENN24C	55667	DENN domain containing 4C					13.24	DLRNLKslylYgAK	0.326045	0.229682	0.28267	0.094154	0.116777	0.163716	0.124883	0.279466	0.446861	0.701743	0.011076	-1.1621
Q5VZ89_rSlylYgAK_S3_1	Q5VZ89	DENN24C	55667	DENN domain containing 4C					99.83	SSlYKVSlylYgAK	0.157485	0.201992	0.185227	0.079852	0.109377	0.103962	0.09773	0.181568	0.538257	0.656801	0.006111	-0.89363
Q5VZL5_aNqVETLHTLHPQIPETNFR_T16_T19_1	Q5VZL5	ZMYM4	9202	zinc finger MYM-type containing 4			7217.7220	50:50		LHTLHPQIPETNFR	0.258907	0.181021	0.155506	0.081352	0.084019	0.103821	0.089731	0.165144	0.543348	0.879583	0.002127	-0.88005
Q5VZL5_ksivVAIEPR_S3_1	Q5VZL5	ZMYM4	9202	zinc finger MYM-type containing 4					100	RRRKRKsivVAIEPR	0.155949	0.174361	0.150969	0.119103	0.131724	0.098688	0.116505	0.226943	0.513368	0.118362	0.049242	-0.96193
Q632Y3_eRVPsVAEPQLRPAGTAAAK_S5_1	Q632Y3	KANK2	25959	KN motif and ankyrin repeat domains 2					100	EPREVPsVAEPQLR	0.206504	0.208711	0.210849	0.128163	0.122731	0.159777	0.136891	0.206868	0.655958	0.023311	0.023811	-0.60832
Q641Q2_gLfsDEEDSDFSSQSAK_S4_1	Q641Q2	WASHC2A	387680	WASH complex subunit 2A					93.94	KQKGLfsDEEDSDF	0.170587	0.17276	0.17051	0.134727	0.138853	0.104091	0.12859	0.130883	0.747234	0.041054	0.037866	-0.4559
Q641Q2_gPIAQWDGASIPNGHRPQLR_S12_1	Q641Q2	WASHC2A	387680	WASH complex subunit 2A					100	WADGASIPNGHRP	0.171573	0.191658	0.175691	0.115324	0.148988	0.116682	0.127044	0.19764	0.707214	0.474675	0.013883	-0.49978
Q641Q2_kTslFEEDSDlFAIAk_S3_1	Q641Q2	WASHC2A	387680	WASH complex subunit 2A					93.94	AKAWKtSLFEEDSD	0.202475	0.205586	0.175735	0.117758	0.116632	0.103738	0.112709	0.195499	0.579187	0.361787	0.001452	-0.7879
Q641Q2_kTslFEEDSDlFAIAk_T2_S3_1	Q641Q2	WASHC2A	387680	WASH complex subunit 2A					100	EAKWtSLFEEDSD	0.186912	0.22137	0.157228	0.115894	0.103848	0.066793	0.095512	0.188403	0.506684	0.717138	0.017198	-0.98084
Q641Q2_rSRTSFADELAAR_S2_1	Q641Q2	WASHC2A	387680	WASH complex subunit 2A					98.72	ENTRKRrSRTSFA	0.199073	0.191721	0.177543	0.139766	0.136212	0.121195	0.132391	0.129856	0.866834	0.895861	0.002569	-0.51698
Q641Q2_rSRTSFADELAAR_T5_S6_1	Q641Q2	WASHC2A	387680	WASH complex subunit 2A					100	RKRKRrSRTSFADE	0.210331	0.168285	0.187655	0.133544	0.148145	0.137752	0.139814	0.188757	0.740709	0.226239	0.01921	-0.43302
Q641Q2_rTSPDDEENLFAPk_T2_S4_1	Q641Q2	WASHC2A																				

Q6KC79	qncDAPVSLQEDIVGSLKSPENHPETPK_s17_S20_Q6KC79	NIPBL	25836 NIPBL, cohesin loading factor	5588.S591.T592	31.32;31.32;31.32	LQEDIVGSLKSPEN.DI	0.162793	0.207991	0.202006	0.110525	0.152295	0.118686	0.127169	0.19093	0.666048	0.896899	0.028819	-0.5863	
Q6MZP7	IaisPllkSnK_s4_S8_2	Q6MZP7	132660 lin-54 DREAM MuvB core complex component	S310.S314	100;100	TPNKIAISPLKSPNK.IA	0.1504	0.177776	0.15558	0.128609	0.111021	0.098345	0.112658	0.161252	0.698647	0.955924	0.016114	-0.51736	
Q6NZY4	gppTVPFPPLK_T2_1	Q6NZY4	55596 zinc finger CCHC-type containing 8	T479		100 TPPLPRGTFPPVPTF	0.163453	0.194918	0.226681	0.076292	0.105332	0.081395	0.087673	0.194997	0.44961	0.388377	0.006156	-1.15235	
Q6P0N0	nIkskSPR_S6_1	Q6P0N0	55320 MIS18B binding protein 1	S365		92.84 KRNIGKSLSPFRIFK	0.164515	0.215931	0.169699	0.107709	0.134346	0.094223	0.11170	0.183472	0.609301	0.664528	0.022914	-0.71477	
Q6P0O8	nIkskGASPLTIAgk_S10_1	Q6P0O8	21319 microtubule associated serine/threonine kinase 2	S151		93.83 SLGQSAPSLTALQTE	0.213581	0.154791	0.182671	0.075706	0.117526	0.095164	0.096329	0.138261	0.532364	0.672311	0.013662	-0.93411	
Q6P0O8	nIkskGASPLTIAgk_S7_S10_1	Q6P0O8	21319 microtubule associated serine/threonine kinase 2	S151	44.5148.S151	33.33;33.33;33.33	LVNRMQSLGQSAPSLTIA	0.191811	0.170116	0.169163	0.074118	0.121539	0.085871	0.093843	0.17703	0.530095	0.424036	0.00661	-0.91568
Q6P0O8	nIkskGASPLTIAgk_S7_S10_1	Q6P0O8	21319 microtubule associated serine/threonine kinase 2	S151	5144.S151	49.91;49.91	LRNQLSQSAPSLTIAgk.SI	0.163023	0.160643	0.162873	0.062604	0.1187	0.086665	0.089323	0.154039	0.579872	0.238309	0.032157	-0.78619
Q6P158	rSPRSnSNIsk_S6_1	Q6P158	90957 DKH-X box helicase 57	S77		97.03 SRRPSPFNNSNIsk	0.222364	0.154392	0.220451	0.130222	0.113012	0.1188	0.120678	0.190969	0.606212	0.097400	0.026739	-0.72211	
Q6P4F7	rQsVGDVFSmNk_S3_1	Q6P4F7	9824 Rho GTPase activating protein 11A	S285		0.218048	0.187659	0.141348	0.071896	0.090388	0.07573	0.102621	0.182352	0.450894	0.525215	0.01373	0.14914		
Q6P4R8	kCsLAALVDLAVLk_S3_1	Q6P4R8	4798 nuclear factor related to kappaB binding protein	S298		100 VAGNRKSLALAYDLD	0.218399	0.221672	0.186711	0.102059	0.133793	0.124646	0.120669	0.208927	0.575156	0.834204	0.003701	-0.79797	
Q6PCE3	aVAgvNmtAsHNR_S10_1	Q6PCE3	283209 phosphoglucomutase 2 like 1	S175		0.135184	0.160934	0.156432	0.109645	0.102762	0.107817	0.106741	0.15085	0.707599	0.125935	0.007070	-0.499		
Q6PFW1	kAGsMEVLSSETSSRPGGYR_S12_1	Q6PFW1	9677 diphosphoinositol pentakisphosphate kinase 1	S985		49.7 MEVLSSETSSRPGGY	0.176613	0.249013	0.201555	0.124932	0.149501	0.126454	0.133629	0.209061	0.639189	0.245777	0.029189	-0.64569	
Q6PFW1	kAGsMEVLSSETSSRPGGYR_S4_1	Q6PFW1	9677 diphosphoinositol pentakisphosphate kinase 1	S985		100 IRLNKRSLSGSLP	0.176213	0.247081	0.191809	0.116475	0.145955	0.10392	0.122116	0.205035	0.955958	0.502715	0.028918	-0.74761	
Q6PFW1	qSGLGQsTGLFSTTVLGGSSAPNLQDAR_S22_1	Q6PFW1	9677 diphosphoinositol pentakisphosphate kinase 1	S1037		89.36 TVLGGSSAPNLQDQ	0.147397	0.187784	0.193478	0.099217	0.10163	0.115279	0.105375	0.17622	0.597976	0.122441	0.098899	-0.74184	
Q6PFW1	lHSPNLFLQQR_S4_1	Q6PFW1	9677 diphosphoinositol pentakisphosphate kinase 1	S1152		0.201688	0.240686	0.192734	0.108865	0.13341	0.118029	0.120101	0.211703	0.56731	0.382727	0.05006	0.00026	-0.81779	
Q6PGN9	rEsTnLFLPAsk_S3_1	Q6PGN9	55269 paraspeckle component 1	S175		99.48 SPNKKRSPNTCLNDF	0.156399	0.159252	0.195121	0.098037	0.136829	0.110247	0.115038	0.170257	0.67567	0.915688	0.03099	-0.56561	
Q6PID6	sEAPAEVTHFsPk_S11_1	Q6PID6	23548 tetratricopeptide repeat domain 33	S197		100 PAEVTHFsPKSIPLD	0.173607	0.172677	0.149965	0.107066	0.130346	0.127242	0.121551	0.165416	0.734821	0.942515	0.01454	-0.44454	
Q6PIG6	gSNTAASAEATLPR_T5_S7_1	Q6PIG6	221927 BRCA1 associated ATM activator 1	T745.S747	47.34;47.34	EAARGSPNTAASAEATL.RG	0.14698	0.156058	0.190389	0.111482	0.124453	0.092567	0.109501	0.164476	0.665756	0.680164	0.027116	-0.58623	
Q6PIJ7	IRTSQTEALVEVQGSR_S4_1	Q6PIJ7	79882 zinc finger CCHC-type containing 14	S390		107083 VAPTRTSQTEALVE	0.170383	0.185026	0.172023	0.08882	0.083534	0.101134	0.091163	0.175204	0.520322	0.942615	0.00302	-0.94692	
Q6PIW8	kcsTQLLVEDPKEGGATTK_S4_1	Q6PIW8	163882 consorin, connexin sorting protein	S293		89.3 KQERKCSQTLLVSE	0.134942	0.21733	0.172663	0.075451	0.096979	0.084663	0.086598	0.174978	0.494905	0.161632	0.023617	-1.01478	
Q6PIW8	kcsTQLLVEDPKEGGATTK_T4_1	Q6PIW8	163882 consorin, connexin sorting protein	S293		91.31 SQERKCSQTLLVSE	0.159344	0.216231	0.187953	0.059933	0.091089	0.1051	0.097374	0.187843	0.518381	0.117803	0.030908	-0.94792	
Q6PKG0	avVPTTKTEVSNk_T3_1	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	T526		99.97 PGSPRAVVTPTTKTE	0.169474	0.230082	0.187048	0.109805	0.134727	0.104322	0.116285	0.195355	0.594701	0.425302	0.017452	-0.74976	
Q6PKG0	csSQSSSRPAAMISQPTTGPQVPR_S3_1	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1056		96.45 EGRKRCFSQSSSRPA	0.201569	0.163718	0.21598	0.109621	0.106146	0.107533	0.193535	0.554996	0.931487	0.070889	-0.84945		
Q6PKG0	csQSSSRPAAMISQPTTGPVREDAK_S3_1	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1056		66.03 EGRKRCFSQSSSRPA	0.213126	0.230448	0.207443	0.108432	0.129554	0.114843	0.11761	0.210037	0.541966	0.899155	0.004839	-0.88373	
Q6PKG0	csQSSSRPAAMISQPTTGPVREDAK_S3_1	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1056.S1058	40.91;40.91	60.67 EGRKRCFSQSSSRPA.RKI	0.244145	0.183384	0.212183	0.118008	0.113047	0.112772	0.114609	0.216306	0.52977	0.018397	0.022049	-0.91656	
Q6PKG0	gskVGDGDAINWPTPGIAHk_S2_1	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1056		100 VPKRGKCSKVGDGFD	0.183399	0.255995	0.150732	0.09311	0.073755	0.122108	0.096324	0.196709	0.49868	0.388898	0.042348	-1.03009	
Q6PKG0	csQSSSRPAAMISQPTTGPVREDAK_S4_1	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1056		60.67 EGRKRCFSQSSSRPA	0.227634	0.18598	0.203925	0.108439	0.148557	0.121003	0.125999	0.208467	0.612104	0.926791	0.09155	-0.70815	
Q6PKG0	csQSSSRPAAMISQPTTGPVREDAK_S4_S6_Q6PKG0	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1056.S1058.S1055	24.61;24.61;24.61;24.61	60.67 EGRKRCFSQSSSRPA.RKI	0.228063	0.205054	0.189747	0.124314	0.150725	0.116696	0.120578	0.207621	0.628926	0.922240	0.07097	-0.66904	
Q6PKG0	csQSSSRPAAMISQPTTGPVREDAK_S6_S7_Q6PKG0	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1058.S1059.S1060	30.58;30.58;30.58	91.31 KRKRCFSQSSSRPAAM.RKI	0.194841	0.194532	0.192638	0.110879	0.150308	0.105527	0.132238	0.195217	0.626168	0.923749	0.033816	-0.67538	
Q6PKG0	csQSSSRPAAMISQPTTGPVREDAK_S7_S8_Q6PKG0	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1059.S1060	40.15;40.15	99.97 KRKRCFSQSSSRPAAM.RKI	0.256519	0.197482	0.231638	0.144295	0.146394	0.133154	0.141281	0.230056	0.614114	0.106614	0.00755	-0.70342	
Q6PKG0	csQSSSRPAAMISQPTTGPVREDAK_S7_S8_Q6PKG0	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S1059.S1060.S1067	29.17;29.17;29.17	91.31 KRKRCFSQSSSRPAAM.RKI	0.274479	0.199959	0.231335	0.148446	0.155708	0.129001	0.144385	0.235258	0.617332	0.239779	0.168866	-0.70432	
Q6PKG0	lPTVPSrPNYR_S19_S9_2	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S766.S774	96.72;86.12	99.97 EPTIARSLLPTTVPTE.LP	0.192231	0.184708	0.175695	0.130203	0.129711	0.134725	0.131546	0.184242	0.713988	0.198592	0.000481	-0.86603	
Q6PKG0	IASISrSPEGTPTVGSyGTQPSk_S5_S6_1	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	S489.S850	39.43;39.43	99.97 RFRSTIASISrSPEGTF.PP	0.167443	0.194649	0.162638	0.097511	0.135	0.098495	0.110335	0.14791	0.630813	0.789918	0.0152	-0.66472	
Q6PKG0	lPRrPQLk_T1_T4_T7_2	Q6PKG0	23367 LA ribonucleoprotein domain family member 1	T782.T785.T788	66.67;66.67;66.67	100 RPNRNrPPrPQLk.RN	0.158518	0.19322	0.180247	0.143929	0.116555	0.091172	0.117218	0.173299	0.661024	0.61269	0.540303	-0.59723	
Q6PL18	ATAD2	Q6PL18	29028 ATPase family, AAA domain containing 2	S1302		100 RMYNRrATAD2	0.186448	0.203827	0.187478	0.100955	0.114173	0.082292	0.09914	0.192825	0.514785	0.930615	0.000991	-0.95796	
Q6PL18	rSRyGNQSMFLDK_S4_1	Q6PL18	29028 ATPase family, AAA domain containing 2	S1302		99.81 CRIRSRyGNQSMFLDK	0.146331	0.110915	0.143076	0.06812	0.071764	0.087576	0.07582	0.133441	0.568192	0.436485	0.010759	-0.81555	
Q6RFH5	kLsgEAGQALQTR_S3_1	Q6RFH5	54663 WD repeat domain 74	S165		100 AAAkRLsgEAGQALQTR	0.20641	0.235186	0.24017	0.108319	0.101856	0.100678	0.095284	0.23999	0.41071	0.977414	8.26E-05	-1.28381	
Q6UB98	rMSPVIEHTk_S3_1	Q6UB98	23253 ankyrin repeat domain 12	S1311		94.3 TLTVRrMSPVIEHTk	0.196554	0.183704	0.170906	0.109831	0.129737	0.112686	0.117418	0.183718	0.63912	0.827058	0.002364	-0.64584	
Q6UUV7	ITQYhGSrNPLVQL_S8_1	Q6UUV7	64784 CREB regulated transcription coactivator 3	S62		99.99 LTQYhGSrNPLVQL	0.204525	0.234188	0.173223	0.081296	0.130217	0.107644	0.106386	0.203978	0.521555	0.792423	0.012418	-0.93911	
Q6UUV7	sNPSIQATLk_S1_1	Q6UUV7	64784 CREB regulated transcription coactivator 3	S329		100 SGLQSSrNPSIQATL	0.26094	0.219372	0.196618	0.122514	0.145468	0.09458	0.120854	0.225643	0.535599	0.758153	0.01813	-0.90078	
Q6UUV7	sNPSIQATLk_S1_1	Q6UUV7	64784 CREB regulated transcription coactivator 3	S329.S332	50;50	100 SGLQSSrNPSIQATL.QS	0.340648	0.223427	0.247886	0.141383	0.121882	0.097502	0.120256	0.270653	0.444315	0.224445	0.016551	-1.17034	
Q6UWD8	rRPGSPDPEWGLQPR_S6_1	Q6UWD8	283897 chromosome 16 open reading frame 54	S194		100 ARRRPGSPDPEWGL	0.230528	0.213634	0.196939	0.150904	0.157444	0.167008	0.158478	0.2137	0.741591	0.980487	0.068663	-0.4313	
Q6WKZ4	nNmTAsFDLSmK_S6_1	Q6WKZ4	80223 RAB11 family interacting protein 1	S156		100 MRNMNTAsFDLSMk	0.244743	0.202862	0.168767	0.073029	0.091854	0.071929	0.079897	0.205547	0.384203	0.154188	0.00244	-1.38006	
Q6WKZ4	nNmTAsFDLSmK_T4_1	Q6WKZ4	80223 RAB11 family interacting protein 1	T154		90.67 QMNMNTAsFDLSMk	0.24756	0.193313	0.196844	0.087341	0.106808	0.087048	0.093703	0.212572	0.400994	0.246416	0.003144	-1.18133	
Q6WKZ4	nNmTAsFDLSmK_T4_S6_1	Q6WKZ4	80223 RAB11 family interacting protein 1	S156	50;50	100 QMNMNTAsFDLSMk.MRI	0.22242	0.214566	0.160594	0.067013	0.104074	0.072001	0.081133	0.191993	0.406789	0.524269	0.06428	-1.29765	
Q6WKZ4	qSSNLFDVQIETPEAESK_S4_1	Q6WKZ4	80223 RAB11 family interacting protein 1	S500.S501	50;50	100 AVSRQSSNLFDVQIET	0.212965	0.198712	0.205512	0.088676	0.113047	0.111253	0.104325	0.20573	0.507098	0.432008	0.003342	-0.97966	
Q6WKZ4	qSSNLFDVQIETPEAESK_S4_1	Q6WKZ4	80223 RAB11 family interacting protein 1	S501		92.32 KPPSRrSSNLFDVQI	0.218572	0.172806	0.172078	0.077233	0.09667	0.092393	0.088765	0.187819	0.772362	0.152640	0.003849	-1.08127	
Q6WKZ4	rSLLSLMTGk_S3_1	Q6WKZ4	80223 RAB11 family interacting protein 1	S434.S435	49.99;49.99	95.22 KPSPSRrSLLSLMTG	0.182285	0.191292	0.188742	0.064602	0.08401	0.074064	0.074225	0.18744	0.395994	0.372444	5.33E-05	-1.33645	
Q6WKZ4	rSLLSLMTGk_S3_1	Q6WKZ4	80223 RAB11 family interacting protein 1	S435		95.22 KPPSRrSLLSLMTG	0												

Q722W4_FFQGSQEFLASASAEER_S5_1	Q722W4	ZC3HAV1	56829	zinc finger CCH-type containing, antiviral 1	5257	99.83	RDRFQGSQEFFLASA	0.159916	0.227497	0.214933	0.114661	0.142462	0.126228	0.127784	0.200782	0.636431	0.262331	0.030536	-0.65192
Q722Z1_hksIAEVSNLR_S3_1	Q722Z1	TICRR	90381	TOPBP1 interacting checkpoint and replication regulator 5865	5785	100	NALIRKHSIAEVSQNL	0.336523	0.273562	0.157777	0.051167	0.089831	0.079925	0.073641	0.255954	0.287712	0.093543	0.027265	-1.7973
Q722Z1_hsVSAVGDLEKLDNFk_S3_1	Q722Z1	TICRR	90381	TOPBP1 interacting checkpoint and replication regulator 5865	5785	96.16	LDLKRSHSIVAVDGL	0.259736	0.223068	0.150937	0.119303	0.132485	0.105671	0.119162	0.211058	0.564595	0.109676	0.049819	-0.82471
Q72333_kLEPESVLDMDVTcsQIVYNNPEK_S16_1	Q72333	SETX	23064	senataxin	5353	90.75	LDVAVMTCQIVYNN	0.235292	0.272551	0.236063	0.083398	0.104396	0.124982	0.104259	0.274968	0.420451	0.976222	0.011117	-1.24999
Q72336_hRAEVALSARfSPLQGGAPGTR_S11_1	Q72336	ATG9A	79065	autophagy related 9A	5654	82.18	EVAASLRFLSPLOPG	0.206256	0.174893	0.139331	0.09617	0.074461	0.078335	0.082989	0.174939	0.478339	0.213592	0.101471	-1.06389
Q72336_hRAEVALSARfSPLQGGAPGTR_S11_1	Q72336	ATG9A	79065	autophagy related 9A	5654.5656		EQVALSLRFLSPLOPG	0.215169	0.201142	0.204836	0.145847	0.097203	0.113814	0.118955	0.207049	0.574526	0.159162	0.040075	-0.79956
Q72336_hRAEVALSARfSPLQGGAPGTR_S11_1	Q72336	ATG9A	79065	autophagy related 9A	5654.5656	99.68;99.95	EQAALVQSRFGSQSQNT	0.156849	0.167336	0.15913	0.079159	0.127542	0.128579	0.117616	0.116119	0.693651	0.073807	0.040075	-0.52772
Q72378_nEHOISQSIVSVK_S13_1	Q72378	ZFYVE16	9765	zinc finger FYVE-type containing 16	5946	100	SLIQSOVYFSSKLSMN	0.228512	0.204294	0.208668	0.118554	0.140153	0.160044	0.139584	0.213825	0.652794	0.557856	0.062246	-0.6153
Q72417_d0TSGAQMLVFLSK_S4_S5_1	Q72417	NUF1P2	57532	NUF1P2, FMR1 interacting protein 2	5607.5608	47.7;47.7	DLQ171734	0.204415	0.25013	0.066197	0.075452	0.075545	0.072398	0.208623	0.386259	0.346649	0.036469	0.020497	-1.5272
Q72417_dYEIENSLASPTNLGSAK_S12_T14_1	Q72417	NUF1P2	57532	NUF1P2, FMR1 interacting protein 2	5629.7631	49.99;49.99	ESQNFPLASPTNLGK	0.181678	0.205258	0.186284	0.128971	0.158365	0.130301	0.139212	0.191073	0.728581	0.723546	0.012149	-0.45684
Q72417_dYEIENSLASPTNLGSAK_T16_1	Q72417	NUF1P2	57532	NUF1P2, FMR1 interacting protein 2	5633		PLASPTNLGSAK	0.237651	0.228073	0.195086	0.152708	0.149811	0.14933	0.150617	0.22027	0.683781	0.013306	0.038185	-0.54839
Q72417_ndWSGFDLR_S3_1	Q72417	NUF1P2	57532	NUF1P2, FMR1 interacting protein 2	5652		RGLERNDWSGFDLR	0.177662	0.203158	0.14279	0.100637	0.13495	0.092631	0.109406	0.174537	0.626835	0.709908	0.400351	-0.67384
Q72422_ILGSAEEEEQEKPLDRPRISQEDSRQPNNVIR_T2X	Q72422	ZSRD1	26099	SUZ RNA binding domain containing 1	7121		6E18186	0.227737	0.247988	0.084948	0.127471	0.104112	0.105511	0.214637	0.491577	0.417161	0.013124	-1.02451	
Q72422_rPSNGVSPNSRPTLPVK_T3_S4_1	Q72422	ZSRD1	26099	SUZ RNA binding domain containing 1	767.568	50;50	IRILKRPSTNGVSS	0.17535	0.22737	0.181301	0.122162	0.138986	0.101496	0.120881	0.194674	0.620942	0.606239	0.019991	-0.68747
Q72460_fSFRSQDLNPEIKR_S5_1	Q72460	CLASP1	23332	cytoplasmic linker associated protein 1	51196		0.161957	0.156542	0.186148	0.100009	0.13612	0.116212	0.117417	0.162216	0.72383	0.186855	0.050439	-0.46628	
Q72460_qsGSATNVASTDNR_S2_1	Q72460	CLASP1	23332	cytoplasmic linker associated protein 1	5646		0.181246	0.174673	0.23624	0.095991	0.113608	0.096852	0.10215	0.197386	0.517515	0.158887	0.009439	-0.95033	
Q72460_rSDDIVNAASAK_S3_1	Q72460	CLASP1	23332	cytoplasmic linker associated protein 1	5606		0.161957	0.156542	0.186148	0.100009	0.13612	0.116212	0.117417	0.162216	0.72383	0.186855	0.050439	-0.46628	
Q72460_sSSSQSLNRLPSAK_S4_1	Q72460	CLASP1	23332	cytoplasmic linker associated protein 1	5558		0.245229	0.199718	0.270736	0.159107	0.142207	0.138696	0.14667	0.238561	0.614811	0.168522	0.013332	-0.70179	
Q72474_kIPFEVEVNSPLSDVAK_S10_1	Q72474	HAUS6	54801	HAUS augmin like complex subunit 6	5507		0.158397	0.134683	0.166163	0.101334	0.110145	0.116246	0.109424	0.158973	0.687174	0.214834	0.019677	-0.54125	
Q72474_nQIPRPNLEITE_T6_1	Q72474	HAUS6	54801	HAUS augmin like complex subunit 6	5507		0.180476	0.211	0.184151	0.085739	0.129017	0.120518	0.117518	0.191876	0.582451	0.691212	0.00807	-0.77979	
Q724V5_nQDRLRPPGDRQER_S10_1	Q724V5	HDFGL2	84717	HDFG like 2	5652		0.161007	0.163701	0.181565	0.135026	0.126241	0.106406	0.122558	0.198756	0.726235	0.734803	0.012243	-0.46149	
Q724V5_krEGFSMDR_S3_1	Q724V5	HDFGL2	84717	HDFG like 2	5454		0.196439	0.212276	0.190168	0.122064	0.108051	0.083637	0.104584	0.199628	0.523897	0.511098	0.066689	-0.93265	
Q72569_qEIQEQINIAmASASSPAsGSSGLPRK_S29_1	Q72569	BRAP	8315	BRCA1 associated protein	5583		0.216691	0.194426	0.27583	0.088838	0.081327	0.086508	0.085558	0.229628	0.373644	0.016565	0.026672	-1.42026	
Q72589_qPIDLSQMAVPIQMTEK_T3_1	Q72589	EMSY	56946	BRCA2-interacting transcriptional repressor	7799		0.137785	0.208273	0.202648	0.040713	0.07766	0.030304	0.049559	0.182902	0.270961	0.575083	0.076717	-1.88384	
Q725J4_kEDLAEVEYSLLcELLSGPEQRQMGDPLSP_S31_1	Q725J4	RAI1	10743	retinoic acid induced 1	5892		0.212589	0.169076	0.183439	0.133038	0.144416	0.089386	0.122194	0.188368	0.6487	0.739306	0.037445	-0.62438	
Q725J4_sSSSNASNGGGDGKEERPEGSPTLFK_S2_1	Q725J4	RAI1	10743	retinoic acid induced 1	51246		0.157602	0.192611	0.177309	0.102583	0.11614	0.064652	0.094458	0.173842	0.543356	0.752189	0.01523	-0.88003	
Q725J4_sSSSNASNGGGDGKEERPEGSPTLFK_S4_S5_S5_1	Q725J4	RAI1	10743	retinoic acid induced 1	51247.51248.51249.30.61;30.61;30.61		0.212601	0.191597	0.248204	0.144137	0.104906	0.105634	0.122512	0.220521	0.717183	0.020027	-0.89937		
Q725L9_dTLALHQHGSPPFEK_S12_1	Q725L9	IFB2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	5318		0.440372	0.436354	0.274018	0.065785	0.064544	0.070394	0.066908	0.383581	0.174429	0.002108	0.028549	-2.51928	
Q725L9_IIEPPELLRSPNPR_S11_1	Q725L9	IFB2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	5318		0.158397	0.204613	0.178039	0.098471	0.118154	0.139097	0.118574	0.180437	0.657477	0.864141	0.025889	-0.60499	
Q725L9_rNSNPPSPSMNQSR_S3_1	Q725L9	IFB2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	5455		0.17369	0.217001	0.192247	0.083055	0.113936	0.107608	0.101533	0.196413	0.522523	0.720859	0.001059	-0.93643	
Q725L9_rNSNPPSPSMNQSR_S5_S2_1	Q725L9	IFB2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	5455.5457	99.99;92.69	0.181178	0.175487	0.17125	0.122054	0.115282	0.111753	0.116363	0.175971	0.661261	0.950503	0.004192	-0.59671	
Q725L9_rPVSAAVEAHEQR_S4_1	Q725L9	IFB2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	5240		0.189939	0.226368	0.199381	0.105554	0.11727	0.117541	0.113455	0.203898	0.55372	0.223075	0.015009	-0.85277	
Q725L9_tTPEAAQGGQSPMAALIAVNDAGGSHASK_T1_T2	Q725L9	IFB2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	7412.7413	50;50	0.158397	0.224041	0.246565	0.099987	0.145006	0.124284	0.12311	0.23586	0.552192	0.900603	0.004382	-0.9381	
Q725L9_tTPEAAQGGQSPMAALIAVNDAGGSHASK_T2_1	Q725L9	IFB2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	7413		0.176379	0.188931	0.275887	0.092756	0.098878	0.080282	0.090639	0.213733	0.424076	0.059352	0.117911	-1.2376	
Q726E9_gYAAAGQPRPSANRENFPER_S11_1	Q726E9	RBBP6	5930	RB binding protein 6, ubiquitin ligase	5363		0.191005	0.149211	0.176774	0.119911	0.130262	0.087021	0.112398	0.17263	0.65109	0.944062	0.283733	-0.61907	
Q726E9_nLQPLMRSPISR_S11_1	Q726E9	RBBP6	5930	RB binding protein 6, ubiquitin ligase	5363		0.17372	0.180297	0.143728	0.078955	0.118119	0.10651	0.101194	0.165915	0.609916	0.968602	0.016104	-0.71332	
Q726E9_nLQPLMRSPISR_S8_1	Q726E9	RBBP6	5930	RB binding protein 6, ubiquitin ligase	5367		0.170718	0.170611	0.135946	0.060332	0.126361	0.094617	0.09377	0.159092	0.589406	0.538499	0.042604	-0.76267	
Q726I6_nGSSLSDAVALAR_S6_1	Q726I6	ARHGAP30	257106	Rho GTPase activating protein 30	5936		0.195747	0.14797	0.168538	0.092769	0.124927	0.117455	0.111717	0.176752	0.654266	0.660562	0.020385	-0.61205	
Q726P3_TPGVTFK_T1_1	Q726P3	RAB44	401258	RAB44, member B Ras oncogene family	5494		0.141412	0.204201	0.145339	0.087603	0.091404	0.047062	0.073536	0.16035	0.460472	0.656142	0.2358	-1.11882	
Q86T10_vhsVSTETPHER_S3_1	Q86T10	TB1D1	23216	TB1 domain family member 1	5627		0.149885	0.188298	0.159472	0.068331	0.117048	0.098247	0.094542	0.165885	0.659926	0.976975	0.017626	-1.82007	
Q86U42_qMNMSPPGNAGVIMSEIK_S5_1	Q86U42	PABPN1	8106	Poly(A) binding protein nuclear 1	5150		0.106009	0.188298	0.159472	0.068331	0.117048	0.098247	0.094542	0.165885	0.659926	0.976975	0.017626	-1.82007	
Q86UDD_rHIASGVDGLTK_T3_1	Q86UDD	SAPCD2	89958	Suppressor of lymphoma domain containing 2	7129		0.186778	0.217076	0.156245	0.09915	0.126009	0.108685	0.111281	0.198561	0.560439	0.241519	0.018178	-0.83537	
Q86UJ0_bCell CLL/Lymphoma 9-like	Q86UJ0	BCNL9	283149	b-cell CLL/Lymphoma 9-like	51478.51480	47.66;47.66	0.318339	0.259018	0.260033	0.145875	0.127319	0.155282	0.179492	0.27913	0.643041	0.626205	0.046698	-0.63702	
Q86UW9_vrHSMNLPAYVPQPHPR_S4_T6_1	Q86UW9	DTX2	113878	deltex E3 ubiquitin ligase 2	5217.7219	46.62;46.62	0.150169	0.198124	0.154219	0.085158	0.110476	0.122947	0.106194	0.167504	0.633978	0.687833	0.031847	-0.65749	
Q86UW9_vrHSMNLPAYVPQPHPR_Y1_S4_1	Q86UW9	DTX2	113878	deltex E3 ubiquitin ligase 2	5214.5217	46.62;46.62	0.165423	0.181499	0.166234	0.099055	0.139935	0.112601	0.117197	0.170782	0.686237	0.334046	0.015251	-0.54322	
Q86V48_aSbHmVgTDSGTQETK_S7_1	Q86V48	LUZP1	7798	leucine zipper protein 1	5440		0.218401	0.307152	0.210305	0.04735									

Q8N122_svsYGNIR_S4_1	Q8N122	RPTOR	57521	regulatory associated protein of MTOR complex 1	5722	95.4	PRLRSVSYGNIRAV	0.23654	0.231554	0.251152	0.094981	0.125636	0.099659	0.106758	0.239748	0.445294	0.551113	0.000288	-1.16717
Q8N183_gHASP4YFGEKEPSVA5STGK_Y7_1	Q8N183	NDUFAF2	91942	NADH:ubiquinone oxidoreductase complex assembly factor Y137	9137	97.59	KGHASAPYFGEKEPS	0.191016	0.240363	0.211056	0.147878	0.162499	0.139205	0.149861	0.214145	0.69981	0.367367	0.015432	-0.51496
Q8N1G0_hGLQLGAGSPPGR_S9_1	Q8N1G0	ZNF687	57592	zinc finger protein 687	5157	97.59	GLQLGAGSPPGR	0.167032	0.156583	0.21302	0.100188	0.124331	0.087797	0.104106	0.178979	0.58199	0.55573	0.021431	-0.78093
Q8N1G0_tQsSLVEAFNK_S3_1	Q8N1G0	ZNF687	57592	zinc finger protein 687	5157	99.18	TVLTSRRQSSSLVEAF	0.242127	0.276941	0.185281	0.048985	0.099276	0.097177	0.081813	0.202478	0.348461	0.548666	0.008172	-1.52093
Q8N3D4_rPvNPFGEVSPVPPR_S3_1	Q8N3D4	EHPB1L1	254102	EH domain binding protein 1 like 1	5495	100	GVIRLRPFSVNFGEVSP	0.207117	0.196203	0.202462	0.115031	0.159992	0.096226	0.123749	0.213942	0.612841	0.504354	0.015146	-0.70642
Q8N3F8_sPVPSSGGSPQLQV_S8_S9_S10_1	Q8N3F8	MICAL1L	85377	MICAL like 1	5619.5620.5621	33.33;33.33;33.33	SVIPSSSSSSPQLQV	0.156878	0.224377	0.211315	0.081881	0.116552	0.087823	0.095418	0.197524	0.483073	0.423004	0.011815	-1.04969
Q8N3U4_nLLQGDSDDDTMSVIGSISGRGTVR_S23_T24_1	Q8N3U4	STAG2	10735	stromal antigen 2	5068.11069	47.27;43.27	SGVSSGSSVTVSRKKS	0.225638	0.220051	0.176429	0.071188	0.097666	0.065365	0.078073	0.203773	0.376486	0.579821	0.021087	-1.40933
Q8N3V7_dRASPAAEAVFPEWASCTK_S3_1	Q8N3V7	SYNPO	11346	synaptodin	5685	100	PAPDRASPAAEAVF	0.199836	0.235885	0.151365	0.0969	0.128993	0.09675	0.107548	0.195696	0.549567	0.321812	0.003003	-0.86363
Q8N488_sDLKDPSEANSIQANATK_S14_1	Q8N488	RYBP	23429	RING1 and Y11 binding protein	5127	90.91	DLKDPSEANSIQANAT	0.217461	0.220078	0.203479	0.110954	0.158973	0.095854	0.121927	0.213673	0.570625	0.368166	0.096934	-0.80939
Q8N4C8_gTKPFPAPPQPPGNASNDPLRR_S19_S20_1	Q8N4C8	MINK1	50488	misshapen like kinase 1	5732.5733	50;50	FPFPNPNASNDPLRR	0.1707	0.240293	0.162859	0.090668	0.138748	0.081849	0.103755	0.191151	0.54279	0.678873	0.045019	-0.88153
Q8N4C8_gTKPFPAPPQPPGNASNDPLRR_S20_1	Q8N4C8	MINK1	50488	misshapen like kinase 1	5733		PGFPNPNASNDPLRR	0.220628	0.262399	0.204885	0.110185	0.167814	0.101405	0.126468	0.229364	0.551385	0.820146	0.019194	-0.85887
Q8N4C8_nLLHADNSGYTNLPDVPQSHSPEIKNSK_S20_S22_1	Q8N4C8	MINK1	50488	misshapen like kinase 1	5916.5918	44.29;44.29	LPDVPQSHSPEIKNSK	0.210339	0.241071	0.244447	0.207591	0.150234	0.154708	0.170844	0.231953	0.736548	0.515261	0.045995	-0.44115
Q8N4C8_sNsAWQIYLQR_S3_1	Q8N4C8	MINK1	50488	misshapen like kinase 1	5706		SNSAWQIYLQR	0.234239	0.297155	0.145848	0.057831	0.085881	0.075933	0.073215	0.225747	0.342324	0.067641	0.026867	-1.62449
Q8N567_gLEANRLSKNDAPQAK_S8_1	Q8N567	ZCHC9	84240	zinc finger CCHC-type containing 9	548		QLEANRLSKNDAPQAK	0.240352	0.255892	0.233609	0.064139	0.072929	0.069012	0.068693	0.243284	0.282358	0.25863	1.6E-05	-1.8244
Q8N568_qNsTLLDGVSVMNTALDK_S9_1	Q8N568	DCLK2	166614	doublecortin like kinase 2	5688		NsTLLDGVSVMNTALDK	0.151813	0.175024	0.175076	0.046978	0.121277	0.10083	0.089695	0.167305	0.536118	0.217758	0.029759	-0.89938
Q8N5F7_nGLTHQLGGLSGQR_S11_1	Q8N5F7	NKAP	79576	NFKB activating protein	564		nGLTHQLGGLSGQR	0.148224	0.140744	0.18713	0.075971	0.089508	0.084238	0.083239	0.158699	0.524507	0.139657	0.007172	-0.93097
Q8N5G2_ksLTLTPEIYR_S3_1	Q8N5G2	MACO1	524		564		ksLTLTPEIYR	0.15908	0.21612	0.19005	0.048196	0.089052	0.105109	0.080786	0.188417	0.42876	0.972772	0.101039	-1.22176
Q8N5Y2_ssPILPPLTKSGSAVFAFGEGR_S3_S14_2	Q8N5Y2	MSL3	10943	male-specific lethal 3 homolog	5400.5411	72.54;99.72	ssPILPPLTKSGSAVFA	0.169097	0.200641	0.21926	0.129791	0.154777	0.113991	0.132853	0.196333	0.676673	0.793522	0.282102	-0.56347
Q8N684_dSSADGASDRATSEINLVPSSAR_S5_1	Q8N684	CPSF7	79869	cleavage and polyadenylation specific factor 7	5197		dSSADGASDRATSEINL	0.210421	0.217327	0.192574	0.143512	0.152123	0.153254	0.14963	0.206774	0.723641	0.296428	0.020203	-0.46665
Q8N6H7_alsSDMFFGR_S3_1	Q8N6H7	ARFGAP2	84364	ADP ribosylation factor GTPase activating protein 2	5432		alsSDMFFGR	0.176019	0.222462	0.185631	0.06204	0.105873	0.093881	0.087265	0.194704	0.448191	0.92121	0.005073	-1.15782
Q8N6H7_sRSRQLDFDQVDTFASGPK_S1_S2_1	Q8N6H7	ARFGAP2	84364	ADP ribosylation factor GTPase activating protein 2	5337.5338	47.69;47.69	sRSRQLDFDQVDTFAS	0.244757	0.223652	0.229026	0.05056	0.082003	0.061348	0.064637	0.234729	0.730464	0.600517	0.000115	-1.84667
Q8N6H7_sRSRQLDFDQVDTFASGPK_S1_S2_S4_1	Q8N6H7	ARFGAP2	84364	ADP ribosylation factor GTPase activating protein 2	5337.5338.5340	33.33;33.33;33.33	sRSRQLDFDQVDTFAS	0.199808	0.227069	0.243481	0.066988	0.077716	0.085744	0.078616	0.221119	0.347395	0.239448	0.008814	-1.52535
Q8N6H7_sRSRQLDFDQVDTFASGPK_S2_1	Q8N6H7	ARFGAP2	84364	ADP ribosylation factor GTPase activating protein 2	5338		sRSRQLDFDQVDTFAS	0.239664	0.232005	0.247168	0.105533	0.123434	0.103671	0.110879	0.239612	0.462745	0.651094	0.739E-05	-1.11717
Q8N6H7_sRSRQLDFDQVDTFASGPK_S4_1	Q8N6H7	ARFGAP2	84364	ADP ribosylation factor GTPase activating protein 2	5340		sRSRQLDFDQVDTFAS	0.22452	0.258947	0.260112	0.072944	0.105317	0.097363	0.091874	0.247859	0.370671	0.820755	0.000509	-1.43179
Q8N6H7_sSVSHVLESMQIQEETPVSAK_S6_1	Q8N6H7	ARFGAP2	84364	ADP ribosylation factor GTPase activating protein 2	5319		sSVSHVLESMQIQEETP	0.287111	0.358478	0.343046	0.106128	0.089976	0.068428	0.090334	0.329545	0.274117	0.514092	0.006087	-1.86713
Q8N6H7_sSVSHVLESMQIQEETPVSAK_S9_1	Q8N6H7	ARFGAP2	84364	ADP ribosylation factor GTPase activating protein 2	5322		sSVSHVLESMQIQEETP	0.263391	0.308023	0.252465	0.044491	0.068203	0.046556	0.053083	0.274626	0.193299	0.332128	0.000285	-2.37114
Q8N655_sVLPDNGSMPVLPDKR_S10_1	Q8N655	ARL6IP6	151188	ADP ribosylation factor like GTPase 6 interacting protein 80	5628		sVLPDNGSMPVLPDKR	0.176268	0.257467	0.212457	0.105896	0.160406	0.103758	0.123354	0.215397	0.576279	0.76751	0.007603	-0.8042
Q8N9T8_qLPALDDSLMGPESSPAQEEAAPVSPHKAPOAK_S1_Q8N9T8	Q8N9T8	KRI1	65095	KRI1 homolog	5628		qLPALDDSLMGPESSPAQ	0.183532	0.188299	0.208796	0.147832	0.127246	0.148587	0.141222	0.193542	0.72967	0.897348	0.007423	-0.45468
Q8NAV1_sRYDLNPKR_S1_Y2_1	Q8NAV1	PRPF38A	84950	pre-mRNA processing factor 38A	5216.Y217	50;50	sRYDLNPKR	0.185394	0.201788	0.171738	0.113724	0.118965	0.111061	0.114583	0.186547	0.615025	0.133338	0.001399	-0.70128
Q8NC51_hsSRRSSFSHYSGK_S10_1	Q8NC51	SERP11	26135	SERPINE1 mRNA binding protein 1	5205		hsSRRSSFSHYSGK	0.202678	0.357169	0.305656	0.143014	0.10729	0.056407	0.102237	0.303501	0.33686	0.397603	0.013323	-1.56978
Q8NCFS_kKFTEFLDNPSLPPSPR_S14_1	Q8NCFS	NFATC2IP	84901	nuclear factor of activated T-cells 2 interacting protein	5204		kKFTEFLDNPSLPPSPR	0.226862	0.214049	0.185688	0.087101	0.092282	0.08343	0.087604	0.19586	0.438337	0.029657	0.0344	-1.18989
Q8NCFS_kKFTEFLDNPSLPPSPR_S17_1	Q8NCFS	NFATC2IP	84901	nuclear factor of activated T-cells 2 interacting protein	5204		kKFTEFLDNPSLPPSPR	0.197149	0.190589	0.155266	0.136526	0.145891	0.126365	0.136261	0.181002	0.752816	0.31638	0.034311	-0.40963
Q8NCFS_kTFEFLDNPSLPPSPR_S16_1	Q8NCFS	NFATC2IP	84901	nuclear factor of activated T-cells 2 interacting protein	5204		kTFEFLDNPSLPPSPR	0.203139	0.226494	0.221685	0.087103	0.102069	0.073108	0.084427	0.217166	0.388765	0.768579	0.00031	-1.36303
Q8NCN4_ksGVDQYTLR_S3_Y7_1	Q8NCN4	RNF169	254225	rifB binding protein 169	5693.Y697	50;50	ksGVDQYTLR	0.169911	0.259812	0.242484	0.030565	0.091298	0.065725	0.062529	0.220609	0.279063	0.580268	0.007803	-1.84134
Q8ND30_tQsGNFYDTLGMARFSR_S3_1	Q8ND30	PFPIBP2	8495	PFPIA finger protein 2	5512		tQsGNFYDTLGMARFSR	0.221284	0.209629	0.195741	0.044982	0.120007	0.088788	0.084592	0.224865	0.404971	0.206485	0.005657	-1.30411
Q8ND56_sqPLDPLRSPtmEQAQVATASAHLPAAVAGR_S11_Q8ND56	Q8ND56	LSM14A	26065	LSM14A, mRNA processing body assembly factor	5192		sqPLDPLRSPtmEQAQVA	0.186623	0.253422	0.266297	0.124635	0.180015	0.12921	0.14462	0.23402	0.617982	0.63212	0.047245	-0.69436
Q8ND82_sEPHSGPIEFIR_S5_1	Q8ND82	ZNF280C	55609	zinc finger protein 280C	5186		sEPHSGPIEFIR	0.212184	0.210851	0.225063	0.09536	0.121015	0.117616	0.11133	0.20152	0.5365	0.679024	0.022238	-0.89835
Q8ND82_ssQSSVTEVNAKSPDFTK_S2_1	Q8ND82	ZNF280C	55609	zinc finger protein 280C	5186		ssQSSVTEVNAKSPDFTK	0.204301	0.177443	0.232802	0.075849	0.110619	0.109486	0.098651	0.204899	0.48158	0.674848	0.00566	-1.05415
Q8ND11_sASSFFK_S1_1	Q8ND11	C1orf131	128061	chromosome 1 open reading frame 131	5815		sASSFFK	0.29472	0.297398	0.24764	0.075495	0.103423	0.083718	0.087545	0.279919	0.312751	0.641444	0.004429	-1.67691
Q8ND11_sQSGRTSGSDPGDPCNSDSTQAOVLGK_T8_S9_Q8ND11	Q8ND11	EHPB1	23301	EH domain binding protein 1	7663.5664	47.14;47.14	sQSGRTSGSDPGDPCNS	0.174221	0.174868	0.197316	0.134101	0.124262	0.151609	0.136657	0.181402	0.753234	0.99967	0.016738	-0.40862
Q8NDX1_qADPPVWVGVELTHLGSPPAQR_S19_1	Q8NDX1	PSD4	23550	pleckstrin and Sec7 domain containing 4	5120		qADPPVWVGVELTHLGS	0.212044	0.239652	0.26646	0.160554	0.146146	0.160977	0.159652	0.240119	0.64923	0.189325	0.006022	-0.6232
Q8NDX1_qANTASQSPVNHLPSPG_S17_1	Q8NDX1	PSD4	23550	pleckstrin and Sec7 domain containing 4	5143		qANTASQSPVNHLPSPG	0.176813	0.204732	0.183255	0.124059	0.153217	0.120334	0.132537	0.188267	0.703983	0.794571	0.011724	-0.50639
Q8NEF9_sLDFPQNFPIK_S1_1	Q8NEF9	SRRFBP1	153443	serum response factor binding protein 1	5367		sLDFPQNFPIK	0.172464	0.175424	0.198152	0.084334	0.127437	0.132479	0.11475	0.18027	0.6304	0.44119	0.017425	-0.66566
Q8NEF9_rSLDPPQNFPIK_S3_1	Q8NEF9	SRRFBP1	153443	serum response factor binding protein 1	5367		rSLDPPQNFPIK	0.229862	0.174713	0.273578	0.092275	0.102643	0.149669	0.114863	0.226051	0.5081			

Q8WUA4_aHFNAmFQPSpPTR_S10_1	Q8WUA4	GTF3C2	2976 general transcription factor IIIC subunit 2	5892		89.63	FNAMFQPSSTPRRG	0.15084	0.186766	0.190369	0.065345	0.108853	0.098611	0.090936	0.175992	0.516707	0.960076	0.009517	-0.95258
Q8WUA4_aHFNAmFQPSpPTR_S10_S11_1	Q8WUA4	GTF3C2	2976 general transcription factor IIIC subunit 2	5892.5893	49.96;49.96		FNAMFQPSSTPRRG_NAI	0.203478	0.183979	0.21676	0.097029	0.132196	0.132163	0.120462	0.201405	0.598109	0.795267	0.00584	-0.74152
Q8WUM9_nNSYtsYTMAlcMPLDSFR_S3_Y4_T5_1	Q8WUM9	SLC20A1	6574 solute carrier family 20 member 1	5417.Y418.T419	32.02;32.02;32.02		KPLRRNINSYTSYMA_PLI	0.238827	0.186588	0.223184	0.177112	0.141564	0.157388	0.158688	0.2162	0.739897	0.612388	0.036402	-0.44617
Q8WUM9_nNSYtsYTMAlcMPLDSFR_S3_Y4_T5_S6_1	Q8WUM9	SLC20A1	6574 solute carrier family 20 member 1	5417.Y418.T419.S4	24.48;24.48;24.48;24.48		RNLRRNINSYTSYMA_PLI	0.319408	0.158953	0.173893	0.130729	0.140757	0.124445	0.131977	0.174945	0.754392	0.396591	0.015758	-0.40661
Q8WUM9_nNSYtsYTMAlcMPLDSFR_Y7_T8_1	Q8WUM9	SLC20A1	6574 solute carrier family 20 member 1	Y421.T422	45.03;45.03		KPNYSYSYTMAlcM_PLI	0.212102	0.20905	0.260452	0.141238	0.142872	0.173608	0.152573	0.266364	0.578728	0.192048	0.031274	-0.78904
Q8WVK2_vdGSvNAVAINvQKR_S13_1	Q8WVK2	SNRPNP27	11017 small nuclear ribonucleoprotein U74/U5.U6 subunit 27	S132		100	NKAINVNSQKRKYRQ	0.163742	0.197872	0.149436	0.090579	0.078343	0.08299	0.083971	0.16702	0.502757	0.183528	0.002129	-0.99207
Q8WVW1_rksYTDLoK_S3_Y4_1	Q8WVW1	LMO7	4008 LIM domain 7	S751.Y752	49.9;49.9		NYAYINSDYTDLoK_NKI	0.103705	0.181783	0.188319	0.120438	0.107576	0.158765	0.133003	0.182675	0.714678	0.553348	0.026827	-0.48463
Q8WVW1_rkSFQEGSSDvVPLDVPtPISAR_S3_1	Q8WVW1	LMO7	4008 LIM domain 7	S1197		97.74	WLNKRQRSPFEFGQ	0.276331	0.272125	0.246906	0.101941	0.121658	0.116054	0.113218	0.265121	0.427041	0.579189	0.000154	-1.22755
Q8WVW1_rksvNKEPVSJGImR_S1_1	Q8WVW1	LMO7	4008 LIM domain 7	S1493		90.87	WLRQRSAASKEPVs	0.184591	0.192342	0.189046	0.096297	0.127725	0.129466	0.118729	0.18866	0.62456	0.083223	0.000252	-0.67909
Q8WVW1_rkSTYLoK_S1_1	Q8WVW1	LMO7	4008 LIM domain 7	S751		99.42	WKKDRQRSPFEFGQ	0.208724	0.181409	0.183055	0.099464	0.117437	0.162287	0.126396	0.191063	0.661543	0.366175	0.035227	-0.59609
Q8WVW7_rkPQPSvFVEGvVNSR_S5_1	Q8WVW7	ATXN2L	11273 ataxin 2 like	S111		100	TGKWRQPSPFEFGQ	0.232355	0.208881	0.229606	0.160601	0.164035	0.153575	0.153337	0.223614	0.665721	0.804098	0.003849	-0.54431
Q8WVW7_rkQPSsPENSLDFPPPR_S5_S6_1	Q8WVW7	ATXN2L	11273 ataxin 2 like	S558.S559	49.89;49.89		QFKLQPSsPENSLD_FK	0.252396	0.223356	0.25421	0.084544	0.113366	0.112554	0.103488	0.243321	0.425315	0.946479	0.00053	-1.23339
Q8WVW7_rkQPSsPENSLDFPPPR_S6_1	Q8WVW7	ATXN2L	11273 ataxin 2 like	S559		85.22	FKMLQPSsPENSLD	0.198084	0.202562	0.229408	0.08677	0.105578	0.112125	0.1015	0.210018	0.48329	0.753566	0.000937	-1.04904
Q8WVWQ_rkSRSISSEVHsPPNVGLR_S10_1	Q8WVWQ	PHP	55023 pleckstrin homology domain interacting protein	S679			RKGSISSTSEVHsPPN	0.183057	0.201353	0.231358	0.162502	0.158855	0.139877	0.153745	0.202526	0.749039	0.397607	0.03065	-0.41689
Q8WVWQ_rkRSPSTLTVTFsQNVckPVEETQRPTLQEK_S4	Q8WVWQ	RASSF5	83593 Ras association domain family member 5	S182		61.26	GLSRDRPSSPESTLV	0.175686	0.209777	0.196976	0.146598	0.11796	0.118029	0.127529	0.194146	0.65687	0.958143	0.008425	-0.60632
Q8WVY3_qvVYGGkSTIRDR_T10_1	Q8WVY3	PRPF31	26121 pre-mRNA processing factor 31	S439.T440	49.98;49.98		SVVYGGkSTIRDRSS_VV	0.170291	0.150318	0.142466	0.117912	0.116586	0.103943	0.112814	0.154358	0.730856	0.448262	0.011528	-0.45234
Q8WXA9_eAQFSIAAIEPEsGKsNER_S14_1	Q8WXA9	CASKIN2	140890 splicing regulatory glutamic acid and lysine rich protein	S181		90.63	AAIEPEsGKsNERK	0.152644	0.193597	0.220088	0.130304	0.103776	0.102678	0.123576	0.188776	0.654617	0.456397	0.043254	-0.61128
Q8WXE0_gEQIQTQDVPRQLLEGK_S1_1	Q8WXE0	CASKIN2	57513 CASK interacting protein 2	S471		100	RPLNLRNRSRQFPQT	0.233409	0.221939	0.196885	0.128095	0.105572	0.105267	0.129708	0.217411	0.519653	0.658915	0.001369	-0.94438
Q8WXE0_sHSLSRPGPEGDAEGEAEGPVGSTLGSYATLTR_S3	Q8WXE0	CASKIN2	57513 CASK interacting protein 2	S800		71.25	RPLNLRNRSRQFPQT	0.198721	0.248724	0.187928	0.128823	0.156057	0.104238	0.112976	0.216107	0.612955	0.701275	0.020045	-0.70615
Q8WXE0_sHSLSRPGPEGDAEGEAEGPVGSTLGSYATLTR_S3_Q8WXE0	Q8WXE0	CASKIN2	57513 CASK interacting protein 2	S800.S802	45.23;45.23		RPLNLRNRSRQFPQT_KRI	0.248714	0.257659	0.278829	0.18568	0.200551	0.131031	0.12421	0.261734	0.658763	0.30291	0.017651	-0.60217
Q8WXE0_sHSLSRPGPEGDAEGEAEGPVGSTLGSYATLTR_T1	Q8WXE0	CASKIN2	57513 CASK interacting protein 2	T807		67.06	SLSRPGPEGDAEGE	0.177495	0.218475	0.204676	0.116327	0.149904	0.108208	0.124813	0.200215	0.623394	0.941667	0.012668	-0.68178
Q8WXF1_gAINMGDAFsPAPAGNQPMPMMGmNMMNR_S:Q8WXF1	Q8WXF1	PSCP1	55269 paraspeckle component 1	S409			INMGDAFsPAPAGN	0.153889	0.164974	0.194126	0.11615	0.141867	0.10713	0.121716	0.170997	0.711802	0.858569	0.031628	-0.49045
Q8WXG6_gtLSDSIEITNSATStIFGK_T2_1	Q8WXG6	MADD	8567 MAP kinase activating death domain	T1237		90.48	HLMSDIEITNSAT	0.209017	0.231676	0.200092	0.131647	0.167885	0.157714	0.152415	0.203957	0.713569	0.862893	0.0129	-0.48868
Q8WXG6_kRSPtSVNTPVGK_S7_1	Q8WXG6	MADD	8567 MAP kinase activating death domain	T1061.S1063	45.42;45.42		DRKRSPtSVNTPVGK_KRI	0.212153	0.178341	0.240646	0.172011	0.128408	0.118261	0.13956	0.21038	0.663731	0.912039	0.044091	-0.59211
Q8WZ73_rAsLSDTLEDIEGLTVR_S3_1	Q8WZ73	RFL	117584 ring finger and FYVE like domain containing E3 ubiquitin S240	S240		86.85	FVPRGRASLDDTL	0.182821	0.235674	0.281498	0.081938	0.151477	0.093781	0.109605	0.233331	0.467428	0.724197	0.025323	-1.09719
Q8WZ73_rAsLSDTLEDIEGLTVR_S3_S5_1	Q8WZ73	RFL	117584 ring finger and FYVE like domain containing E3 ubiquitin S240.S242	S240.S242	50.50		FVPRGRASLDDTL_PGI	0.190723	0.238734	0.296371	0.107496	0.15306	0.104092	0.125449	0.241943	0.502329	0.421684	0.024852	-0.99312
Q8Z499_aAGGSyKSHVDIAPVTLQALAEK_Y7_1	Q8Z499	DDX1	1653 DEAD-box helicase 1	Y701		78.23	RAAGGSyKSHVDI	0.209976	0.195023	0.235702	0.128879	0.118571	0.182984	0.143748	0.21324	0.627288	0.165202	0.040018	-0.57165
Q92538_rPQHPPEIseLcACDFEKPESR_S24_1	Q92538	GBF1	8729 golgi brefeldin A resistant guanine nucleotide exchange	S1773		100	CDPKEPESRAASSS	0.157142	0.144245	0.183644	0.099415	0.126979	0.124567	0.116987	0.161677	0.723583	0.73217	0.033265	-0.46677
Q92541_ITIQESvYTSHNK_S7_1	Q92541	RTF1	23168 RTF1 homolog, Paf1/RNA polymerase II complex compo	S528		100	KLTIQESvYTSHNK	0.313689	0.246083	0.254239	0.306895	0.045454	0.043411	0.041912	0.271337	0.154495	0.028918	0.007809	-0.26937
Q92560_sASNkPLVLEARN_S6_1	Q92560	BAP1	8314 BRCA1 associated protein 1	S292		97.38	SKASNkPLVLEARN	0.201716	0.19092	0.227554	0.183785	0.133399	0.132365	0.14985	0.20673	0.724857	0.58172	0.047707	-0.46423
Q92576_rGSvAVTSHFEVGNTPCEFPsK_S3_1	Q92576	PHF3	23469 PHF finger protein 3	S1758		98.96	VHFRRGSvAVTSHF	0.214591	0.215017	0.221775	0.049485	0.064236	0.051253	0.054992	0.212167	0.253269	0.400473	0.631	-0.19816
Q92576_rGSvAVTSHFEVGNTPCEFPsK_T7_S8_1	Q92576	PHF3	23469 PHF finger protein 3	T1762.S1763	46.97;46.97		RGSvAVTSHFEVGN	0.244575	0.243829	0.252562	0.097933	0.089509	0.093745	0.087542	0.246988	0.354439	0.601091	0.6236	-1.49639
Q92576_rPQFINk_S1_1	Q92576	PHF3	23469 PHF finger protein 3	S1162		100	LVRTANRSPQFINK	0.176699	0.140743	0.155672	0.107677	0.086947	0.064979	0.086534	0.157408	0.548374	0.842555	0.11	-0.86677
Q92597_rkASGSvVSLDGT_S5_S7_S8_T10_S11_S11_1	Q92597	NDRG1	10397 N-myc downstream regulated 1	S303.S332.S333.T3	19.3;19.3;19.3;19.3;19.3;19.3		LMKRTSvVSLDGT	0.17493	0.193141	0.144789	0.051008	0.080449	0.073302	0.067953	0.170953	0.397496	0.593445	0.003596	-1.33099
Q92608_rsvVFADEK_S2_S3_1	Q92608	DOCK2	1794 dedicator of cytokinesis 2	S1700.S1706	50.50		KLKRTSvVFADEK	0.150756	0.178271	0.133437	0.072931	0.124596	0.097535	0.098354	0.154155	0.638022	0.86714	0.048084	-0.64832
Q92608_rsvVFADEK_S3_1	Q92608	DOCK2	1794 dedicator of cytokinesis 2	S1706		97.33	KRKRKRSvVFADEK	0.237292	0.197196	0.216908	0.054077	0.095732	0.086571	0.078793	0.217132	0.362882	0.912374	0.017279	-1.46243
Q92609_sESMPVQLNK_S3_1	Q92609	TBC1D5	9779 TBC1 domain family member 5	S528		94.52	GLTKMKSvVQLNK	0.139658	0.16461	0.146266	0.073447	0.100389	0.100207	0.091347	0.150178	0.253269	0.820324	0.020241	-0.71724
Q92609_tS1DSESGTFSYRk_S2_1	Q92609	TBC1D5	9779 TBC1 domain family member 5	S43		90.58	NKNGRSTSS1DSE	0.190539	0.17218	0.15647	0.125288	0.111209	0.133539	0.123345	0.173063	0.712719	0.609612	0.013578	-0.48859
Q92614_sFRMQPEEGSGLDGTPk_S3_1	Q92614	MYO18A	399687 myosin XVIII A	S728		90.16	GLTFRMQPEEGSG	0.167763	0.225394	0.163699	0.116681	0.118513	0.099517	0.103656	0.185619	0.574114	0.16662	0.019117	-0.80059
Q92615_hAIPsAERGLPESsFNfADR_S5_1	Q92615	LARP4B	23185 LA ribonucleoprotein 4B	S424		100	HLRHAIPsAERGLP	0.224844	0.212317	0.224106	0.10052	0.123923	0.097587	0.107343	0.220422	0.486989	0.38341	0.000259	-1.03804
Q92619_agSPSPSPEGLR_S5_1	Q92619	ARHGAP45	23526 Rho GTPase activating protein 45	S25		91.63	KNRAGSPSPSPEGL	0.182575	0.166148	0.138413	0.086476	0.121943	0.049885	0.086011	0.161012	0.534751	0.63367	0.040883	-0.90306
Q92619_ksFNVDVARPEAAGSPPEEGGTGPk_S2_1	Q92619	ARHGAP45	23526 Rho GTPase activating protein 45	S577		77.26	PVMRKSvFNVDVAR	0.209182	0.180523	0.216522	0.152798	0.166276	0.118717	0.14593	0.20276	0.722157	0.751571	0.035043	-0.46962
Q92619_sFNVDVARPEAAGSPPEEGGTGPk_S1_S2_1	Q92619	ARHGAP45	23526 Rho GTPase activating protein 45	S577.S578	49.98;49.98		PVMRKSvFNVDVAR_VMI	0.213538	0.206627	0.297619	0.106807	0.144161	0.090991	0.113986	0.239964	0.476409	0.50194	0.019595	-1.06973
Q92619_sFNVDVARPEAAGSPPEEGGTGPk_S1_S2_Si	Q92619	ARHGAP45	23526 Rho GTPase activating protein 45	S577.S578.S582	33.33;33.33;33.33														

Q9609_rIDFPVSPAPSTR_S8_S12_2	Q96E09	FAM122A	116224 family with sequence similarity 122A	5143.5147	100:90.95	RIDFIPVSPAPSTR_IP	0.265313	0.212229	0.242165	0.160879	0.148549	0.088849	0.132759	0.239902	0.553388	0.646163	0.101663	-0.85364
Q9609_rIDFPVSPAPSTR_S8_S12_T14_2	Q96E09	FAM122A	116224 family with sequence similarity 122A	5143.5147_T149	100:50:50	RIDFIPVSPAPSTR_IP	0.240199	0.24251	0.199181	0.140077	0.148103	0.082534	0.123571	0.227298	0.543657	0.634375	0.104251	-0.87923
Q9609_rIDFPVSPAPSTR_S8_T14_2	Q96E09	FAM122A	116224 family with sequence similarity 122A	5143.T149	90:50:89.11	RIDFIPVSPAPSTR_VSI	0.231504	0.231589	0.202691	0.165744	0.190321	0.129121	0.161729	0.221296	0.728745	0.452771	0.404824	-0.45651
Q9609_rNSAPLIHGLSDTSPVQAEAPASAR_S12_1	Q96E09	FAM122A	116224 family with sequence similarity 122A	545	545	APLIHGLSDTSPVQAEAPASAR	0.193464	0.222368	0.155662	0.106558	0.117682	0.106692	0.11031	0.179165	0.615693	0.602547	0.304911	-0.69972
Q9609_rNSAPLIHGLSDTSPVQAEAPASAR_S4_1	Q96E09	FAM122A	116224 family with sequence similarity 122A	537	537	APLIHGLSDTSPVQAEAPASAR	0.193689	0.193174	0.209663	0.121443	0.143348	0.106178	0.123656	0.198842	0.612882	0.405624	0.300381	-0.68529
Q9609_rNSAPLIHGLSDTSPVQAEAPASAR_S11_1	Q96E09	FAM122A	116224 family with sequence similarity 122A	545	545	APLIHGLSDTSPVQAEAPASAR	0.27736	0.277682	0.231703	0.179951	0.156905	0.134644	0.157167	0.245581	0.639978	0.795241	0.310328	-0.64391
Q9609_rNSAPLIHGLSDTSPVQAEAPASAR_S31_1	Q96E09	FAM122A	116224 family with sequence similarity 122A	537.545	44.5:44.5	APLIHGLSDTSPVQAEAPASAR	0.22736	0.227778	0.255386	0.158494	0.134252	0.09782	0.130189	0.202086	0.591266	0.747077	0.305335	-0.75812
Q96P0_rLsAPLPSGDPEK_S3_1	Q96P0	RNF31	55072 ring finger protein 31	5466		PGPRLSAPLPSGCC	0.197484	0.202729	0.249413	0.120435	0.139927	0.148493	0.136285	0.216542	0.629371	0.403827	0.122125	-0.66802
Q96P0_rLsAPLPSGDPEKQR_S3_1	Q96P0	RNF31	55072 ring finger protein 31	5466		PGPRLSAPLPSGCC	0.150392	0.203062	0.182159	0.096325	0.133365	0.136481	0.122057	0.178548	0.683649	0.830041	0.047619	-0.54867
Q96E28_p2TPVPSPAPALTRK_S3_1	Q96E28	MCRS1	10445 microspherule protein 1	5102		KVKSAPTPVCLP	0.186034	0.146364	0.150387	0.09251	0.109768	0.117404	0.106561	0.160928	0.662164	0.508738	0.020403	-0.59474
Q96F46_pEQSQAALDPLVGEEGAIVAK_S4_1	Q96F46	IL17RA	23765 interleukin 17 receptor A	5629		PLVREPSTPQVFLAID	0.180169	0.200688	0.172317	0.067048	0.107288	0.127869	0.100735	0.184391	0.54631	0.36635	0.013335	-0.87221
Q96F46_ILALGEGEACLLGSPGAGR_S15_1	Q96F46	IL17RA	23765 interleukin 17 receptor A	5708		EACPLLGSFGAGRDL	0.199706	0.210197	0.198895	0.114963	0.105243	0.093717	0.104641	0.202933	0.515643	0.519943	0.000161	-0.95556
Q96F54_qLHLQLDQGGPPGGDLAER_S12_1	Q96F54	SIPA1	6494 signal-induced proliferation-associated 1	5817		LCLDQGGSPFGGDL	0.191686	0.237997	0.213059	0.100198	0.127793	0.155667	0.127886	0.214247	0.596908	0.822445	0.041395	-0.74442
Q96G3_S_RIPSLPQEMQTPDDEPPEPSPSTLVR_S5_1	Q96G3	LIN37	55957 lin-37 DREAM Muvb core complex component	5182		ACRSRIPSPQLQPMQ	0.228271	0.248636	0.265671	0.104646	0.127771	0.103397	0.111938	0.247526	0.452227	0.699076	0.000538	-1.14488
Q96HA1_ssmSSMLTGAYASGIPSSR_S2_S3_1	Q96HA1	POM121	9883 POM121 transmembrane nucleoporin	5392.5393	47.34:47.34	SMSSMLTGAYASGIPSSR	0.200335	0.261592	0.231215	0.193896	0.15305	0.137406	0.16145	0.231047	0.698776	0.951138	0.046389	-0.5171
Q96I25_smGGAAIAPPSTLVEK_S1_1	Q96I25	RBM17	84991 RNA binding motif protein 17	5169		ERERRRKSMGGAAIA	0.17882	0.217178	0.208139	0.081018	0.109916	0.105469	0.098801	0.191379	0.490622	0.751641	0.002192	-1.02732
Q96I25_sPTGPSNFLANMGGTVAHK_S1_1	Q96I25	RBM17	84991 RNA binding motif protein 17	5222		EQDRPRSPSTGNSA	0.17905	0.189911	0.208635	0.137049	0.127796	0.114886	0.126577	0.202532	0.657433	0.712385	0.0036	-0.60508
Q96I25_sPTGPSNFLANMGGTVAHK_S6_1	Q96I25	RBM17	84991 RNA binding motif protein 17	5227		PDRPTGPSNFLAN	0.169911	0.187766	0.162084	0.119359	0.13462	0.087784	0.113921	0.173254	0.675541	0.465876	0.019639	-0.60485
Q96I25_sPTGPSNFLANMGGTVAHK_T3_1	Q96I25	RBM17	84991 RNA binding motif protein 17	7224		QRSPPTGPSNFLAN	0.157951	0.207823	0.193866	0.103307	0.128894	0.079963	0.104055	0.186546	0.557795	0.950046	0.015817	-0.84219
Q96I8_IRREsGYQENR_S5_1	Q96I8	LRCH3	84859 leucine rich repeats and calponin homology domain cont	5352		EQRLRRREsGYQENR	0.254871	0.203955	0.194637	0.065844	0.081136	0.051237	0.066072	0.217821	0.303332	0.350688	0.001814	-1.72103
Q96I8_rIsHGGSPVKVAIR_S3_1	Q96I8	LRCH3	84859 leucine rich repeats and calponin homology domain cont	5452		Y190557_rIsHGGSPVKVAIR	0.190557	0.205544	0.210936	0.152192	0.124808	0.138651	0.13855	0.202346	0.68472	0.745207	0.008078	-0.54641
Q96I88_rTsAYTLAPINR_S3_1	Q96I88	EPST11	94240 epithelial stromal interaction 1	565		HAGGRTTsAYTLAPINR	0.345726	0.454628	0.231484	0.057025	0.066696	0.045352	0.056357	0.343946	0.163856	0.018282	0.055545	-2.6095
Q96IM3_eTDPKVPSPLEHQK_S7_1	Q96IM3	CHAMP1	283489 chromosome alignment maintaining phosphoprotein 1	5108		KETDVPKVPSPLEHQK	0.245053	0.222788	0.294321	0.146359	0.112436	0.114596	0.124643	0.205494	0.48991	0.424204	0.004533	-1.02941
Q96IM3_kPGPLSPFIRSPAGSPFLR_S7_S12_S16_2	Q96IM3	CHAMP1	283489 chromosome alignment maintaining phosphoprotein 1	5472.5432.5436	100:50:50	KPGPLSPFIRSPAGSPFLR	0.15968	0.158066	0.17908	0.12298	0.112015	0.097161	0.110719	0.165609	0.668555	0.897755	0.005519	-0.58088
Q96IM3_kPGPLSPDLWK_S5_1	Q96IM3	CHAMP1	283489 chromosome alignment maintaining phosphoprotein 1	5445		LRKRKPSGDLWKLS	0.177259	0.20376	0.164047	0.098051	0.144417	0.106685	0.118181	0.181689	0.604572	0.804302	0.028627	-0.64257
Q96IM3_kPSPSEPEPWKPPFAVSPPEPR_S7_1	Q96IM3	CHAMP1	283489 chromosome alignment maintaining phosphoprotein 1	5286		RKSPSEPEPWKPP	0.161163	0.20992	0.206514	0.104997	0.150044	0.130438	0.128493	0.192532	0.667384	0.815533	0.034986	-0.58341
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S3_S4_S2_2	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	582.583	99.66:97.91	YPRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.187281	0.282843	0.156459	0.118173	0.084082	0.119571	0.125741	0.245542	0.562581	0.609588	0.023067	-0.90911
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S4_S6_2	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	582.583.585	54.14:91.72:54.14	YPRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.171891	0.191637	0.215107	0.166356	0.142695	0.108652	0.139234	0.195245	0.371126	0.507573	0.00747	-0.48777
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S4_S6_2	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	583.585	92.63:99.38	YPRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.214004	0.198023	0.191776	0.117772	0.118477	0.077097	0.104449	0.204001	0.521199	0.303902	0.02956	-0.9401
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S2_S3_1	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	582.583	46.16:46.16	YPRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.183146	0.195078	0.19445	0.118393	0.131671	0.10751	0.119191	0.190891	0.624394	0.470857	0.008853	-0.67947
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S3_1	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	583		YPRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.174822	0.200695	0.174956	0.118086	0.13359	0.097194	0.11629	0.183378	0.614155	0.805555	0.007949	-0.65709
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S5_1	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	583		RRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.195488	0.185153	0.19358	0.135033	0.128571	0.100544	0.121383	0.191407	0.634162	0.165112	0.001376	-0.65708
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S2_1	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	585		YPRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.183889	0.251432	0.199824	0.094054	0.139576	0.098375	0.110668	0.211715	0.527272	0.67243	0.015621	-0.93588
Q96IP5_rRSPSARPPDVGQPPQAAK_S2_S4_1	Q96IP5	ZFP91	80829 ZFP91 zinc finger protein	583.585	47.64:47.64	YPRRRRrRSPSARPPDVGQPPQAAK	0.168703	0.227511	0.189758	0.084883	0.134822	0.085722	0.101809	0.195234	0.521233	0.958809	0.017216	-0.94
Q96IV6_sFQSLACSGLPAADR_S8_1	Q96IV6	PDLM2	64236 PD2 and LIM domain 2	5161		YFRSLACSGLPAADR	0.200504	0.225338	0.25877	0.102589	0.148409	0.13873	0.142042	0.226224	0.666376	0.696979	0.041826	-0.684
Q96K21_wSPQNKY_S2_1	Q96K21	ZFYVE19	84936 zinc finger FYVE-type containing 19	5144		SAKASWSPQNKY	0.16378	0.194815	0.154129	0.079011	0.106063	0.087213	0.088942	0.170908	0.52041	0.416292	0.02628	-0.94228
Q96L91_tPGVLLPGEAGGAAGFmTSPPTSPR_S18_S19_T7_Q96L91	Q96L91	EP400	57634 E1A binding protein p400	7314.5315.7320.53	50.04:50.04:46.64:46.64	AGAGFmTSPPTSPR	0.151719	0.137119	0.171988	0.108912	0.124043	0.097198	0.110051	0.153608	0.716438	0.742703	0.00688	-0.48109
Q96P5_sFNPMDSLDMQDMPSESSR_S1_1	Q96P5	MIA2	4253 melanoma inhibitory activity 2	51250		SPKPAELRSFNPMDSLDMQDMPSESSR	0.173802	0.187305	0.24297	0.078931	0.102102	0.073533	0.084855	0.201359	0.421412	0.292612	0.007054	-1.2467
Q96P6_qQGNAYDAGQPSAAYLMSQGVANANSTPPY_Q96P6	Q96P6	RBM14	10432 RNA binding motif protein 14	5571.7572	49.99:49.99	QGNAYDAGQPSAAYLMSQGVANANSTPPY	0.179354	0.203577	0.17819	0.118857	0.127032	0.111809	0.119423	0.187034	0.637471	0.440658	0.009396	-0.64957
Q96P6_qQGNAYDAGQPSAAYLMSQGVANANSTPPY_Q96P6	Q96P6	RBM14	10432 RNA binding motif protein 14	7572		QGNAYDAGQPSAAYLMSQGVANANSTPPY	0.164488	0.191441	0.165839	0.101671	0.131596	0.114194	0.115821	0.173929	0.665906	0.988777	0.009229	-0.58661
Q96P6_qTPFFGR_T3_1	Q96P6	RBM14	10432 RNA binding motif protein 14	T506		QVQARTPFFGR	0.177563	0.186762	0.154578	0.080657	0.11803	0.07911	0.117921	0.172901	0.612419	0.656884	0.018056	-0.68011
Q96P6_rLsEQSLFR_S3_1	Q96P6	RBM14	10432 RNA binding motif protein 14	5618		LSYRLSLEEQSLFR	0.214127	0.258893	0.192293	0.050043	0.081648	0.070738	0.067476	0.221717	0.304262	0.365416	0.002061	-1.71661
Q96P6_rLsEQSLFR_S3_QH_Q96P6	Q96P6	RBM14	10432 RNA binding motif protein 14	5520		AAQYRLSLEEQSLFR	0.208201	0.242673	0.189984	0.095393	0.119878	0.125211	0.113494	0.213619	0.531292	0.521934	0.005085	-0.91242
Q96PY5_ILQEALMEQDQPKSPSHK_S15_1	Q96PY5	FMNL2	114793 formin like 2	51016		MEQDQPKSPSHKSR	0.204936	0.252862	0.200737	0.098084	0.159958	0.129264	0.129102	0.215999	0.597698	0.963692	0.027862	-0.74251
Q96PY5_ILQEALMEQDQPKSPSHK_S15_S17_1	Q96PY5	FMNL2	114793 formin like 2	51016.S1018	50:50	MEQDQPKSPSHKSR	0.1945											

Q99684_sEFEDFWRPPSPsAsPASEK_S12_S16_2	Q99684	GFI1	2672 growth factor independent 1 transcriptional repressor	594.598	98.96;98.96	EDFWRPPSPSPAS.PAS.RP	0.218612	0.165347	0.183802	0.155072	0.118955	0.129472	0.134499	0.189253	0.710684	0.64099	0.044551	-0.49272	
Q99700_qNiGNTPSGVLSPAGQGHITPAEVAAMPiAASPTPA	Q99700	ATXN2	6311 ataxin 2	5697		93.79	PRSPGNSIGNTPSK	0.160654	0.159746	0.157578	0.097974	0.109999	0.057303	0.082359	0.159326	0.516199	0.007121	0.036751	-0.95199
Q99728_qTVSPENIPLFcsPPSck_S1_1	Q99728	BARD1	580 BRCA1 associated RING domain 1	5364		99.41	IPFLPCCSPPFCKRG	0.207911	0.191534	0.180462	0.106709	0.124516	0.141782	0.124336	0.193002	0.643219	0.765515	0.00588	-0.63662
Q99B27_rTFSFQK_S3_1	Q99B27	MAPKAP1	79109 mitogen-activated protein kinase associated protein 1	5510		94.11	RKLNNRSTFFSFKKKE	0.262345	0.193299	0.190554	0.091085	0.098096	0.125427	0.104669	0.203939	0.515583	0.907009	0.003181	-0.95572
Q99B27_rTFSFQK_T2_S3_1	Q99B27	MAPKAP1	79109 mitogen-activated protein kinase associated protein 1	T509.S510	50:50		0.219072	0.212527	0.155831	0.075152	0.104939	0.139255	0.106449	0.19581	0.546363	0.919401	0.030748	-0.8793	
Q99B0F_rPSeSIIETEGK_S3_1	Q99B0F	SENP7	57337 SUMO1/sentrin specific peptidase 7	5111		98.98	RKLGRPPSSSEIITE	0.255456	0.199734	0.24445	0.09647	0.097965	0.084877	0.093104	0.233213	0.399223	0.11128	0.00133	-1.32473
Q99QG0_sPLSQGAK_S3_1	Q99QG0	MYBBP1A	10514 MYBB binding protein 1a	51310			0.200979	0.17896	0.140911	0.087735	0.109207	0.097443	0.098129	0.197167	0.136522	0.22254	0.015397	-0.82316	
Q99BQ3_kPPGTPPPLGAPPPDPLPPPTPEDSLETGFS	Q99BQ3	GORASP3	64689 poly(ribose) stacking protein 1	T16.5220	50:50		0.1784	0.193195	0.16925	0.107819	0.151594	0.07486	0.111424	0.180282	0.618056	0.179371	0.01417	-0.69419	
Q99RP8_rLTKLVEEATLAQLPSAPQGRS_S6_1	Q99RP8	PYM1	84305 PYM homolog 1, exon junction complex associated factor 11	5216		100	STLTKDVVLEETAAL	0.216636	0.229398	0.268634	0.119208	0.145103	0.142283	0.155235	0.246556	0.549699	0.667381	0.04474	-0.86329
Q99RP8_rLTKLVEEATLAQLPSAPQGRS_T1_10_1	Q99RP8	PYM1	84305 PYM homolog 1, exon junction complex associated factor 11	T11.2.1121	47:05;47:05		EAEALSRLLDKVPSLE	0.191433	0.239601	0.224434	0.102993	0.138905	0.13014	0.124013	0.218489	0.567591	0.732563	0.006131	-0.81708
Q99RQ0_sNTQGYSHLEFAFPTTMMVHDHLVANSPPDFEDFG	Q99RQ0	PYGO2	90780 pygopus family PHD finger 2	548		81.98	PEKRRKRSNTQGPAY	0.263647	0.398595	0.279091	0.1017	0.154317	0.084759	0.113592	0.313778	0.362015	0.388623	0.013545	-1.46588
Q99RZ2_eEQAGTLEEDRAQHPHEDGGQPDR_T14_1	Q99RZ2	TRIM5E	81844 tripartite motif containing 56	T442		100	LEEDRAQTPEHEDGGP	0.190971	0.247054	0.233069	0.119801	0.140708	0.070493	0.110334	0.223698	0.493229	0.792021	0.013341	-1.01967
Q99TA9_iSTPQNTVPIKPLIstTPVVSQK_S2_T17_2	Q99TA9	WAC	51322 WW domain containing adaptor with coiled-coil	5456.T471	87:9;8.9.48		0.180792	0.146547	0.144359	0.078233	0.094155	0.083662	0.08535	0.157233	0.542826	0.27127	0.004787	-0.88144	
Q99TA9_iSTPQNTVPIKPLIstTPVVSQK_T3_T17_2	Q99TA9	WAC	51322 WW domain containing adaptor with coiled-coil	5457.T471	87:02;89.14		0.197191	0.17694	0.171504	0.110241	0.126759	0.090024	0.109008	0.181878	0.599343	0.702427	0.005239	-0.73855	
Q99TC0_rNsvERPAAVAGAATPSLVEQQK_S3_1	Q99TC0	DIDO1	11083 death inducer-obliterator 1	T1035.S1036.S104	39:38;39:38;80:85	100	CADVRRNSVERPAEP	0.156417	0.173911	0.17473	0.126734	0.140583	0.110896	0.126071	0.168353	0.748851	0.65315	0.015531	-0.41725
Q99TC0_vLsvPSPNISTeSRpPEGDTLFLSR_T12_S13_S17	Q99TC0	DIDO1	11083 death inducer-obliterator 1	T1035.S1036.S104	39:38;39:38;80:85	100	PSPNISTeSRSPPL	0.181671	0.203475	0.240774	0.12598	0.163559	0.087197	0.125578	0.20864	0.60189	0.759857	0.041268	-0.73243
Q99TV6_aPswSvPNLGTK_S3_1	Q99TV6	DPH7	92715 diphthamide biosynthesis 7	5353		99.93	RSLGQAPSPSPQSE	0.188072	0.206648	0.210717	0.102807	0.135287	0.131414	0.123169	0.202022	0.609887	0.607196	0.003018	-0.71387
Q99U76_rPAEATSPSPERPR_T10_1	Q99U76	C1orf35	79169 chromosome 1 open reading frame 35	T219		93.69	AEATSPSPSPERPR	0.166157	0.193948	0.206454	0.105544	0.132483	0.05913	0.099052	0.188553	0.524495	0.472135	0.021508	-0.931
Q99U76_rPAEATSPSPERPR_T10_S11_1	Q99U76	C1orf35	79169 chromosome 1 open reading frame 35	T172.S220	50:50		0.16393	0.211143	0.167211	0.096507	0.120729	0.068104	0.095113	0.180761	0.526182	0.991255	0.016392	-0.92637	
Q99UB5_aTdsLPGKFDGMYK_S4_1	Q99UB5	MKNK1	8569 MAP kinase interacting serine/threonine kinase 1	539		99.26	RGARTDLSLPGKFDG	0.167422	0.235139	0.207335	0.083835	0.145094	0.10993	0.112923	0.203298	0.555603	0.898466	0.026683	-0.84787
Q99UH6_kPRPAGQFLPDDPQR_S2_1	Q99UH6	PAXX	286257 PAXX non-homologous end joining factor	5152		100	TAVSFRKSPFAGFQ	0.179936	0.201756	0.207302	0.142841	0.150349	0.106448	0.132113	0.196331	0.678511	0.550322	0.016293	-0.55956
Q99VJ6_kRsELQDAEPAQSQETK_S3_S6_1	Q99VJ6	UTP14A	10813 UTP14A small subunit processome component	5434.S437	50:50		0.226511	0.247852	0.2952	0.2121	0.146669	0.131536	0.163442	0.256521	0.63715	0.805404	0.043673	-0.6503	
Q99VP2_sFILDK_S1_1	Q99VP2	GNL3	26354 G protein nucleolar 3	5429		100	AGESQTRSFLLDKI1	0.188036	0.174004	0.156093	0.092042	0.119827	0.061869	0.091246	0.171011	0.528317	0.467528	0.013040	-0.92052
Q99W19_aPQLSLGSR_S3_1	Q99W19	KIFC1	3833 kinesin family member C1	526		100	RPLIKAPQLPLGSS	0.425986	0.39317	0.248971	0.070215	0.083315	0.071858	0.075129	0.356043	0.211012	0.011421	0.034826	-2.2446
Q99W61_aSNRRPsvVLPTR_S7_1	Q99W61	DDA1	79016 DET1 and DDB1 associated 1	533		79.13	KASNRPSVLYPTRE	0.204037	0.190493	0.179797	0.09501	0.124179	0.095284	0.104291	0.191442	0.54755	0.688715	0.001924	-0.86894
Q99WT3_rPKLPEPSSVPPANNIR_S3_1	Q99WT3	PAPOLG	64895 poly (A) polymerase gamma	5708		100	SRKRRLPKSKELEPSS	0.193833	0.213859	0.229138	0.126909	0.12404	0.188614	0.146521	0.212277	0.690235	0.381271	0.044837	-0.53484
Q99WT3_rPKLPEPSSVPPANNIR_S4_1	Q99WT3	PAPOLG	64895 poly (A) polymerase gamma	5708		98.76	SRKRRLPKSKELEPSS	0.246612	0.222619	0.278636	0.125397	0.112418	0.185367	0.14106	0.24989	0.565851	0.685556	0.017489	-0.82151
Q99WU0_aSSQLSESPQDSDLAFSEM_K11_1	Q99WU0	SLCA41AP	22950 solute carrier family 4 member 1 adaptor protein	5532		100	QVLESSESPQDSDLAF	0.19214	0.177842	0.203355	0.089866	0.114042	0.107601	0.103536	0.191173	0.541585	0.988479	0.009156	-0.88474
Q99XB4_rPKSLPSTGTELEPK_S5_1	Q99XB4	OSBP11	114885 oxysterol binding protein like 11	5289		83.2	HQKGLSPSTGTELEPK	0.268814	0.293258	0.338824	0.106517	0.142496	0.02889	0.092634	0.266966	0.346689	0.631323	0.009257	-1.52704
Q99XB4_rPKSLPSTGTELEPK_S3_1	Q99XB4	OSBP11	114885 oxysterol binding protein like 11	5189		100	PTSQRRSPQNALIFF	0.185632	0.173711	0.150253	0.136294	0.117224	0.108333	0.120617	0.169865	0.710074	0.772917	0.020621	-0.49396
Q99XB4_rPKSLPSTGTELEPK_S1_S3_1	Q99XB4	OSBP11	114885 oxysterol binding protein like 11	5172.S174	50:50		NPFLLSRSPQNALIFF	0.159175	0.179458	0.138358	0.051351	0.078512	0.064038	0.064634	0.158997	0.406508	0.608537	0.006279	-1.29864
Q99XB4_rPKSLPSTGTELEPK_S1_S3_1	Q99XB4	OSBP11	114885 oxysterol binding protein like 11	5174		100	PLKRRPSTGTELEPK	0.248352	0.22276	0.165125	0.047533	0.059755	0.060444	0.055911	0.210729	0.263631	0.056428	0.00331	-1.92341
Q99BK1_rGPGAAGPGAsPASSSAASSPSSGR_S11_1	Q99BK1	KLF16	83855 Kruppel like factor 16	599		99.99	GKRRGASPGASSSSA	0.27094	0.250239	0.280777	0.111708	0.096827	0.084954	0.098763	0.263956	0.850321	0.00014	-1.45022	
Q99BK1_rGPGAAGPGAsPASSSAASSPSSGR_S21_1	Q99BK1	KLF16	83855 Kruppel like factor 16	5109		96.57	SSSAASSPSSGR	0.180615	0.194339	0.153866	0.127856	0.134681	0.099444	0.12057	0.176274	0.689495	0.900879	0.025473	-0.54794
Q99BK1_rGPGAAGPGAsPASSSAASSPSSGR_S5_S5_1	Q99BK1	KLF16	83855 Kruppel like factor 16	5226.S228	43:97;43.97		RSGASRSPSSGR	0.219169	0.251307	0.202562	0.102998	0.16072	0.173416	0.157112	0.223436	0.649496	0.607211	0.038844	-0.62924
Q99BK1_rGPGAAGPGAsPASSSAASSPSSGR_T2_S3_1	Q99BK1	KLF16	83855 Kruppel like factor 16	5226.S226	35:74;35.74		RRPGARSTSGDLSPE	0.232453	0.257979	0.261836	0.131674	0.164791	0.080437	0.125634	0.250029	0.502478	0.232529	0.008891	-0.99287
Q99YG3_kVtGTLDFEK_S3_1	Q99YG3	NIFK	84365 nucleolar protein interacting with the FHA domain of MI 218	5218		98.98	RKLKKRVSGDLSPE	0.210554	0.173732	0.220809	0.129957	0.114364	0.171187	0.138504	0.204125	0.678519	0.943426	0.012419	-0.55954
Q99Y4_aPPELQLRRQYMEVAQALEGK_S2_1	Q99Y4	IFIH1	64135 interferon induced with helicase C domain 1	5301		100	ENVAARSAPEPELQL	0.138766	0.185433	0.200401	0.084864	0.091417	0.062638	0.07964	0.164747	0.483408	0.573848	0.006363	-1.04869
Q99Z23_rRLGSYSGPTVSR_S5_1	Q99Z23	PANK2	80025 pantothene kinase 2	5189		92.59	TRDRRLGSYSGPTV	0.22669	0.22301	0.204318	0.176923	0.173641	0.1332	0.161255	0.218006	0.793679	0.390581	0.022335	-0.43503
Q99Z23_rRLGSYSGPTVSR_S5_1	Q99Z23	PANK2	80025 pantothene kinase 2	5168		83.49	ELPRLRRASVAV	0.253971	0.228425	0.238735	0.085634	0.151243	0.097101	0.111326	0.240377	0.463129	0.237135	0.009099	-1.11051
Q99Z25_nEKPQTQSPEATSGTGSVK_S10_1	Q99Z25	NSD3	54904 nucleolar receptor binding SET domain protein 3	5561		99.22	KPTQSPEATSGTGS	0.195651	0.165184	0.207478	0.120505	0.119313	0.119452	0.119757	0.189438	0.632168	0.008171	0.037102	-0.66162
Q99Z25_sLPSITMHIK_S1_1	Q99Z25	NSD3	54904 nucleolar receptor binding SET domain protein 3	5478		99.7	KVAARSLPSITMHIK	0.340619	0.250939	0.206939	0.090679	0.131072	0.129025	0.116925	0.288865	0.434884	0.204721	0.028427	-1.2013
Q99Z2F_rHGSVPMNLK_S4_1	Q99Z2F	OSBP17	114881 oxysterol binding protein like 7	5272		100	RVTALHGSVPMNLK	0.185218	0.224514	0.14142	0.050478	0.097061	0.054549	0.067363	0.163671	0.565197	0.101622	-1.44746	
Q99ZQ8_rHLNFENMLPESVSLTLDKLPPTGSNQASPR_S11	Q99ZQ8	FAM129A	116496 family with sequence similarity 129 member A	5677	5577.S579.S581.S55	24:57;24:57;24:57;24:57	EDNMLPESVSLTLDK	0.206189	0.191911	0.21481	0.162981	0.13039	0.116262	0.136544	0.204303	0.66834	0.377933	0.011589	-0.58134
Q99ZQ8_rASAILPVLGSLETSLNEVQESEEEK_S3_1	Q99ZQ8	FAM129A	116496 family with sequence similarity 129 member A	5602		100	ASPARASAILPVLGV	0.26523	0.193503	0.196175	0.085754	0.107077	0.08472	0.092517	0.218043	0.423803	0.157118	0.00669	-1.23853
Q99ZQ8_rASAILPVLGSLETSLNEVQESEEEKQVEPSSLAK_S3	Q99ZQ8	FAM129A	116496 family with sequence similarity 129 member A	5334		100	ASPARASAILPVLGV	0.184855	0.218841	0.234587	0.109958	0.118415	0.104589	0.110987	0.212761	0.521653	0.13989	0.002599	-0.93884
Q99ZW8_rHSPFSNITVEIIGK_S3_1	Q99ZW8	CD244	51744 CD244 molecule	5213		99.61	GRKRRLPKSKELEPSS	0.276163	0.182722	0.231719	0.15222	0.110353	0.161423	0.141332	0.219171	0.644487	0.852943	0.033829	-0.63297
Q9C073_sLEGLNQEEIVFVK_S1_1	Q9C073	FAM117A	81558 family with sequence similarity 117 member A	5213		100	LPSCLHRSLEGLNQEE	0.211681	0.209588	0.162488	0.128996	0.156547	0.137288	0.140944	0.194586				

Q9H187_kasPEPPDSEAGALK_S3_1	Q9H187	IRF2BPL	64207	interferon regulatory factor 2 binding protein like	5547	100	SLRRKRKASPEPPDSE	0.16649	0.234725	0.1846	0.096522	0.14914	0.092179	0.112614	0.195272	0.576702	0.89176	0.039354	-0.7941
Q9H187_rkASPEPPDSEAGALK_S4_1	Q9H187	IRF2BPL	64207	interferon regulatory factor 2 binding protein like	5547	100	SLRRKRKASPEPPDSE	0.203281	0.176993	0.228254	0.103836	0.137867	0.115403	0.119035	0.202843	0.586634	0.626074	0.009353	-0.76888
Q9H187_rnsSPSPVSPVPGQR_S3_1	Q9H187	IRF2BPL	64207	interferon regulatory factor 2 binding protein like	5657	98.7	TASARRNNSSPVSPGA	0.266187	0.215145	0.308526	0.122877	0.115813	0.124999	0.12123	0.263286	0.460449	0.020939	0.033105	-1.11889
Q9H257_rQELTLLVLSDEDGSPRR_S11_1	Q9H257	CARD9	64170	caspace recruitment domain family member 9	5425	89.51	EDTLLVLSDEDGSPRR	0.164599	0.163477	0.196248	0.113732	0.12766	0.140306	0.127233	0.194745	0.727982	0.67586	0.022733	-0.45803
Q9H257_rsQELSLPQLEDLTDQLSDKGLAGGSGSPK_S2_1	Q9H257	CARD9	64170	caspace recruitment domain family member 9	5425	161.574	rsQELSLPQLEDLTDQLSDKGLAGGSGSPK	0.167574	0.194386	0.210877	0.116546	0.129627	0.134494	0.126769	0.190765	0.663902	0.302774	0.00211	-0.59096
Q9H257_rSQELSLPQLEDLTDQLSDKGLAGGSGSPK_S5_1	Q9H257	CARD9	64170	caspace recruitment domain family member 9	5439	90.79	RRSQELSLPQLEDLTDQLSDKGLAGGSGSPK	0.15695	0.225904	0.202786	0.11074	0.092334	0.128672	0.110582	0.203573	0.543204	0.336627	0.020227	-0.88044
Q9H2G2_rDsFGTPYwmaPEVwMETS_K5_1	Q9H2G2	SLK	9748	STE20 like kinase	5189	95.72	RRRQQRDSFLGTPYw	0.178512	0.208334	0.220316	0.121348	0.126665	0.117861	0.121958	0.195721	0.631213	0.152489	0.001032	-0.68241
Q9H2L5_hRSFNGHGFYNNH_S4_1	Q9H2L5	RASSF4	83937	Ras association domain family member 4	5168	100	RRRHRHFSINGHGFYNNH	0.215086	0.203315	0.153161	0.120097	0.142471	0.096445	0.119671	0.190521	0.628126	0.657659	0.03776	-0.67088
Q9H2L5_rPscPLKESPQNGNITAAQGSQIPVHK_S10_1	Q9H2L5	RASSF4	83937	Ras association domain family member 4	598	70.86	SCPRLKESPQNGNITAAQGSQIPVHK	0.232734	0.215702	0.310925	0.17228	0.115314	0.153436	0.14701	0.283456	0.518638	0.389392	0.02889	-0.9472
Q9H2L5_rPscPLKESPQNGNITAAQGSQIPVHK_S3_1	Q9H2L5	RASSF4	83937	Ras association domain family member 4	591	86.14	SWMPRRFSKPLKES	0.212645	0.210774	0.198504	0.111469	0.103625	0.106669	0.107254	0.207307	0.517369	0.419075	3.65e-05	-0.95073
Q9H2L5_rPscPLKESPQNGNITAAQGSQIPVHK_S3_S10_1	Q9H2L5	RASSF4	83937	Ras association domain family member 4	591.598	45.87;45.87	SWMPRRFSKPLKES	0.241253	0.21501	0.21661	0.127614	0.095975	0.103702	0.109097	0.224291	0.486409	0.886062	0.000834	-0.10976
Q9H334_qLLQQQQQQQVSLKSPK_S17_1	Q9H334	FOXP1	27086	forkhead box P1	583	100	QQVSGSLKSPKRNKDKQ	0.175655	0.216261	0.191953	0.117297	0.136372	0.134415	0.129361	0.194623	0.646677	0.417334	0.007925	-0.58928
Q9H334_rYSdKvNPISSADIAQNQEFYK_S3_Y6_1	Q9H334	FOXP1	27086	forkhead box P1	5440.Y443	46.32;46.32	GPRIrrryrSDKvNPISSADIAQNQEFYK	0.211939	0.293739	0.296269	0.123597	0.14229	0.108425	0.124771	0.167315	0.466754	0.222269	0.008327	-0.19927
Q9H334_rYSdKvNPISSADIAQNQEFYK_Y2_1	Q9H334	FOXP1	27086	forkhead box P1	Y439		GPRIrrryrSDKvNPISSADIAQNQEFYK	0.167397	0.265247	0.199029	0.076838	0.125847	0.082638	0.095108	0.210558	0.451695	0.446732	0.024249	-1.14658
Q9H334_rYSdKvNPISSADIAQNQEFYK_Y6_S11_S12_1	Q9H334	FOXP1	27086	forkhead box P1	Y443.S448.S449	31.02;31.02;31.02	GPRIrrryrSDKvNPISSADIAQNQEFYK	0.184719	0.239548	0.223949	0.0783	0.109037	0.092801	0.093379	0.216072	0.432168	0.457097	0.00272	-1.21033
Q9H3Q1_nAMSLPQLNEK_S4_1	Q9H3Q1	CDC42EP4	23580	CDC42 effector protein 4	5118		LFLVNAMSLPQLNEK	0.168114	0.165009	0.163426	0.033747	0.102341	0.0794	0.071836	0.165516	0.434011	0.009284	0.044753	-1.2042
Q9H4A3_kGFDTDDLHK_T3_1	Q9H4A3	WNK1	65125	WNK lysine deficient protein kinase 1	72245		MTSRRKGFDTDDLHK	0.189607	0.216638	0.227215	0.070561	0.11733	0.111752	0.099881	0.211154	0.473025	0.731341	0.003861	-1.08001
Q9H4A3_slNPPGSNLR_S3_1	Q9H4A3	WNK1	65125	WNK lysine deficient protein kinase 1	52372		SLNPPGSNLR	0.154309	0.142288	0.151817	0.07864	0.096156	0.122146	0.098881	0.149471	0.662205	0.154997	0.181504	-0.59465
Q9H4I2_rQsWHQTFDPTTK_S3_1	Q9H4I2	ZHX3	23051	zinc fingers and homeoboxes 3	5604		HSKARQsWHQTFDPTTK	0.210704	0.197049	0.147177	0.131051	0.105655	0.104768	0.113824	0.248165	0.615346	0.322222	0.082604	-0.70053
Q9H4L5_hSsNPNLTLDFGEEK_S3_S4_1	Q9H4L5	OSBP1L	26031	oxysterol binding protein like associated 3	5303.S304	49.95;49.95	hSsNPNLTLDFGEEK	0.190718	0.180968	0.185711	0.078565	0.093493	0.136785	0.102948	0.185799	0.55408	0.050675	0.009412	-0.85183
Q9H4L7_kasiSYFK_S3_1	Q9H4L7	SMARCAD1	56916	SWI/SNF-related, matrix-associated actin-dependent reg 579	5198	99.95	PSVPRKLSASIFYFK	0.24465	0.267632	0.276765	0.070305	0.105688	0.109587	0.095193	0.263106	0.36193	0.17876	0.000437	-1.46622
Q9H4L7_kasiSYFK_S3_S5_1	Q9H4L7	SMARCAD1	56916	SWI/SNF-related, matrix-associated actin-dependent reg 579	5198	48.23;48.23	PSVPRKLSASIFYFK	0.260745	0.264909	0.266736	0.090212	0.097302	0.104365	0.097293	0.26413	0.368352	0.316845	3.03e-06	-1.44084
Q9H501_tLDSGTSSEIVKS_PR_S12_1	Q9H501	ESF1	51575	ESF1 nucleolar pre-rRNA processing protein homolog	5198		GTSSEIVKS	0.15725	0.207644	0.187339	0.099941	0.129663	0.103153	0.110919	0.180834	0.602655	0.58547	0.033663	-0.73081
Q9H582_hvYSPQAITSDK_S4_1	Q9H582	ZNF644	84146	zinc finger protein 644	51000		YSPQAITSDK	0.167766	0.189477	0.183137	0.119135	0.127876	0.099951	0.115654	0.180126	0.642072	0.758404	0.003526	-0.63919
Q9H5J0_skPDPVPGPLLVGQPLGSPADR_S19_T21_1	Q9H5J0	ZBTB3	79842	zinc finger and BTB domain containing 3	5449.T551	50:50	skPDPVPGPLLVGQPLGSPADR	0.130467	0.159431	0.164728	0.085439	0.106033	0.092781	0.094751	0.151542	0.625245	0.485192	0.002927	-0.67751
Q9H5J0_skPDPVPGPLLVGQPLGSPADR_T21_1	Q9H5J0	ZBTB3	79842	zinc finger and BTB domain containing 3	T551		skPDPVPGPLLVGQPLGSPADR	0.156513	0.154138	0.17211	0.104406	0.13194	0.108516	0.114954	0.16092	0.714533	0.603445	0.001996	-0.48529
Q9H6F5_aGLGSPPERP_K5_1	Q9H6F5	CDC8C6	79080	coiled-coil domain containing 86	547		aGLGSPPERP	0.168595	0.165596	0.189869	0.089382	0.102669	0.088967	0.093673	0.174687	0.536233	0.515703	0.00796	-0.89907
Q9H6F5_aLVEFESNPEETREPSPVQV_S17_1	Q9H6F5	CDC8C6	79080	coiled-coil domain containing 86	547		aLVEFESNPEETREPSPVQV	0.192771	0.208985	0.200591	0.137639	0.14476	0.124132	0.13551	0.201782	0.617567	0.578907	0.001764	-0.5744
Q9H6F5_aLVEFESNPEETREPSPVQV_T12_S17_1	Q9H6F5	CDC8C6	79080	coiled-coil domain containing 86	T42.S47	50:50	aLVEFESNPEETREPSPVQV	0.195222	0.173405	0.184859	0.136621	0.116768	0.125077	0.126155	0.183495	0.687513	0.9499	0.009554	-0.54054
Q9H6F5_IQDQAGLESPOQPEPGAASQORQDHLHSPQR_S	Q9H6F5	CDC8C6	79080	coiled-coil domain containing 86	591		IQDQAGLESPOQPEPGAASQORQDHLHSPQR	0.177798	0.243864	0.188752	0.128341	0.133511	0.121586	0.127813	0.203471	0.62816	0.055461	0.012178	-0.7678
Q9H6F5_qDHLHLESQORQPEYSPER_S8_1	Q9H6F5	CDC8C6	79080	coiled-coil domain containing 86	5102		qDHLHLESQORQPEYSPER	0.145615	0.163654	0.152275	0.09959	0.109348	0.06384	0.090926	0.153848	0.591014	0.253195	0.013184	-0.67084
Q9H6K1_vEGFNPFasPqK_S10_1	Q9H6K1	ILRUN	64771	inflammation and lipid regulator with UBA-like and NBR:	5215		vEGFNPFasPqK	0.163866	0.113969	0.156272	0.080995	0.090296	0.098161	0.089817	0.144702	0.627073	0.185383	0.028094	-0.68803
Q9H7D7_rLQSDQEDVIR_S3_1	Q9H7D7	WRD26	80232	WD repeat domain 26	5121		rLQSDQEDVIR	0.17495	0.205522	0.177151	0.122173	0.125053	0.142013	0.129746	0.185875	0.698031	0.566296	0.08081	-0.51864
Q9H7E2_rSsFGVNGEVEMLPK_S3_1	Q9H7E2	TRDR3	81550	tudor domain containing 3	5489		rSsFGVNGEVEMLPK	0.258926	0.241363	0.162789	0.078028	0.101203	0.090889	0.09004	0.210236	0.407373	0.097844	0.011249	-1.29558
Q9H7M9_mDSNIOGIEPGFEASPPAIGPEAK_S3_1	Q9H7M9	VSIR	64115	V-set immunoregulatory receptor	5235		mDSNIOGIEPGFEASPPAIGPEAK	0.192771	0.185278	0.194168	0.113764	0.104086	0.090555	0.102802	0.190739	0.538965	0.287913	0.022629	-0.89174
Q9H8G2_rRSTDSVSSGSLQKETK_S3_T4_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	589.T90	49.99;49.99	rRSTDSVSSGSLQKETK	0.240792	0.282665	0.269896	0.114089	0.112307	0.097146	0.107868	0.264451	0.407817	0.316783	0.00316	-1.29401
Q9H8G2_rRSTDSVSSGSLQKETK_S6_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	592		rRSTDSVSSGSLQKETK	0.299334	0.301562	0.27657	0.125848	0.116458	0.086643	0.109645	0.269914	0.407357	0.457528	0.002759	-1.29563
Q9H8G2_rRSTDSVSSGSLQKETK_S6_S7_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	592.S93	46.54;46.54	rRSTDSVSSGSLQKETK	0.299611	0.230309	0.391084	0.156356	0.090917	0.159034	0.135436	0.307001	0.441157	0.372454	0.028265	-1.18064
Q9H8G2_rRSTDSVSSGSLQKETK_T4_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	T90		rRSTDSVSSGSLQKETK	0.300614	0.239733	0.410573	0.152135	0.117563	0.127646	0.132448	0.327862	0.40531	0.082957	0.129121	-1.3029
Q9H8G2_rRSTDSVSSGSLQKETK_T4_S8_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	T90.S94	40.64;40.64	rRSTDSVSSGSLQKETK	0.254576	0.271781	0.230659	0.101561	0.085557	0.06413	0.083749	0.252339	0.331893	0.905325	0.002471	-1.59121
Q9H8G2_rSDSSVSSGSLQKETK_S1_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	589		rSDSSVSSGSLQKETK	0.245176	0.291947	0.296414	0.113625	0.139042	0.098716	0.117128	0.278658	0.698031	0.423076	0.001602	-1.21201
Q9H8G2_rSDSSVSSGSLQKETK_S1_T2_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	589.T90	46.68;46.68	rSDSSVSSGSLQKETK	0.214508	0.235536	0.229757	0.133752	0.110956	0.113202	0.119303	0.2266	0.526491	0.85566	0.00063	-0.92552
Q9H8G2_rSDSSVSSGSLQKETK_S1_T2_S4_S5_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	589.T90.S92.S93	24.7;24.7;24.7;24.7	rSDSSVSSGSLQKETK	0.265259	0.21243	0.18277	0.065208	0.104009	0.105859	0.091692	0.220053	0.416493	0.463668	0.091838	-1.26363
Q9H8G2_rSNEILGLESPEPNEK_S12_1	Q9H8G2	CAAP1	79886	caspace activity and apoptosis inhibitor 1	5112		rSNEILGLESPEPNEK	0.											

Q9NSKO	vAELLGSGRRTSQEGPGDsvk_S14_1	Q9NSKO	KLC4	89953	kinesin light chain 4	5519		89.41	ESDGRRTSQEGPGDSS	0.229684	0.198341	0.193376	0.114234	0.162376	0.150768	0.142459	0.207134	0.687765	0.760836	0.024679	-0.54001
Q9NT15	mETVNSASSNSPSSGPR_S15_1	Q9NT15	PDS5B	23047	PDS5 cohesin associated factor B	51166		91.16	SSSSNPFSPGRIKGR	0.191215	0.183442	0.206546	0.135152	0.169788	0.123197	0.142712	0.193735	0.736639	0.381937	0.03036	-0.44097
Q9NUQ6	ekkiisLEEPSK_55_1	Q9NUQ6	SPATS2L	26010	spermatogenesis associated serine rich 2 like	51365		100	IPREKKSIIILEEPPSK	0.239314	0.185822	0.229242	0.117242	0.058213	0.109194	0.094889	0.218125	0.453202	0.882035	0.057616	-1.20085
Q9NUQ6	gLSDGNPKPIHGTR_S2_1	Q9NUQ6	SPATS2L	26010	spermatogenesis associated serine rich 2 like	5159		100	RLLQKRLDLDGNPK	0.201655	0.15618	0.269898	0.118151	0.102131	0.082848	0.101044	0.209244	0.482898	0.174138	0.035238	-1.05021
Q9NUQ6	gHAADTSERFFRFGVGR_S15_1	Q9NUQ6	SPATS2L	26010	spermatogenesis associated serine rich 2 like	5526		99.99	E9F3369	0.218577	0.193369	0.224811	0.122805	0.106038	0.114222	0.114355	0.212952	0.53877	0.046637	0.0081	-0.89226
Q9NV70	TGTS7SLNKR_T5_S6_S7_1	Q9NV70	EXOC1	55763	exocyst complex component 1	7471.5472.5473	33.38;33.38;33.28		SGKTKSSSSLNKLS_V	0.216899	0.183073	0.200258	0.121996	0.136666	0.109209	0.122622	0.200077	0.612874	0.794843	0.006331	-0.70634
Q9NV75	TSPNSLNLR_Y4_S5_1	Q9NV75	PGCH2H	55105	G-patch domain containing 2	5129.5130	50:50		LVAKRFRSSLNLRNV_V	0.28321	0.2244	0.174965	0.147763	0.13468	0.08168	0.121374	0.227255	0.534356	0.885557	0.403566	-0.90656
Q9NW08	cRQVNSVIELGNSCDEPEEAPPVPVK_S9_1	Q9NW08	PAG1	55824	phosphoprotein membrane anchor with glycosphingolip	5244		84.36	EEETNSVIELGNSCD	0.152065	0.157371	0.157575	0.065196	0.04501	0.071713	0.06407	0.155671	0.388449	0.092226	0.00345	-1.3642
Q9NW08	sREDPTTEEIASMYSSVKNPKGLVMK_Y17_1	Q9NW08	PAG1	55824	phosphoprotein membrane anchor with glycosphingolip	5347		79.73	BEETSAMYSSVKNPKG	0.211451	0.222279	0.186514	0.145623	0.135197	0.148935	0.143252	0.206748	0.692881	0.02122	0.050041	-0.52942
Q9NXD2	rNSILKPKPDQAQTDQSDNSDEQYFR_S3_1	Q9NXD2	MTMR10	54893	myotubularin related protein 10	5607		100	ELLFRNRNLLKPKPD	0.191332	0.220295	0.193842	0.091997	0.136779	0.068086	0.098954	0.201823	0.490301	0.349492	0.099722	-1.02826
Q9NXH8	sRLVLPETSR_S1_1	Q9NXH8	TOR4A	54863	torsin family 4 member A	597		100	PRKRRGSRVLPETSR	0.211824	0.193554	0.15958	0.105122	0.114449	0.0804	0.09999	0.188319	0.530962	0.611513	0.008598	-0.91332
Q9NXV6	gIsSNEGVEEFSK_S3_1	Q9NXV6	CDKN2AIP	55602	CDKN2A interacting protein	5131		98.29	KVKKRGISSENEGVE	0.200916	0.22501	0.19873	0.132445	0.144536	0.143399	0.140127	0.208219	0.627978	0.346589	0.01822	-0.57137
Q9NXV6	rVIEGKNSAVEQDPAK_S8_1	Q9NXV6	CDKN2AIP	55602	CDKN2A interacting protein	5151		87.34	RVIEGKNSAVEQDPA	0.140353	0.149761	0.159336	0.083114	0.092973	0.095322	0.094017	0.149817	0.603868	0.635475	0.008864	-0.72769
Q9NXV6	rVIEGKNSAVEQDPAK_S9_1	Q9NXV6	CDKN2AIP	55602	CDKN2A interacting protein	5152		91.4	VIEGKNSAVEQDPAK	0.151249	0.190348	0.185106	0.067625	0.088326	0.082731	0.079561	0.175567	0.453163	0.405853	0.002198	-1.1419
Q9NYB0	YLGDAPVSPSSQK_S12_1	Q9NYB0	TERF2IP	54386	TERF2 interacting protein	5206		99.1	DAPVSPSSQKLRKKA	0.133878	0.156695	0.124833	0.085303	0.100553	0.109916	0.098591	0.138469	0.712008	0.728093	0.028448	-0.49003
Q9NYB0	YLGDAPVSPSSQK_S9_1	Q9NYB0	TERF2IP	54386	TERF2 interacting protein	5203		99.92	LLGDAPVSPSSQKRL	0.174549	0.165575	0.179064	0.134306	0.10345	0.134307	0.124021	0.173063	0.716625	0.258665	0.011256	-0.48071
Q9NYF3	IRP5LDFDK_S4_1	Q9NYF3	FAM53C	51307	family with sequence similarity 53 member C	5299		100	DRRRLSIFPVDLDR	0.217095	0.221826	0.196134	0.113477	0.149789	0.10184	0.121702	0.201165	0.57492	0.460244	0.005442	-0.79875
Q9NYF3	sLSPVDLSR_S3_1	Q9NYF3	FAM53C	51307	family with sequence similarity 53 member C	5122		100	KRRCRLSIFPVDLSR	0.189619	0.198327	0.215514	0.095374	0.115349	0.108279	0.106334	0.211653	0.528621	0.742803	0.000588	-0.91969
Q9NYF8	sSATSDIWPGLsAYDNSPR_S13_Y15_1	Q9NYF8	BCLAF1	9774	BCL2 associated transcription factor 1	5217.Y219	49.61;49.61		GIWFGFLSAYDNSPR	0.195251	0.192284	0.172342	0.076904	0.119256	0.0948	0.096987	0.181382	0.534708	0.368264	0.003421	-0.90381
Q9NYF8	ysPQSNPIHHIISR_S7_1	Q9NYF8	BCLAF1	9774	BCL2 associated transcription factor 1	5290		78.21	VYSPQSNPIHHIISR	0.12773	0.184758	0.203683	0.077764	0.115361	0.055854	0.082993	0.171723	0.483296	0.743147	0.035777	-1.04902
Q9NYF8	ysPQSNPIHHIISR_Y1_S7_2	Q9NYF8	BCLAF1	9774	BCL2 associated transcription factor 1	Y284.S290	94.69;100		RGSGSRYSFQSNPS	0.173613	0.192505	0.202979	0.098346	0.08901	0.044326	0.077227	0.235302	0.328205	0.183001	0.045542	-1.60733
Q9NYF8	ysPQSNPIHHIISR_Y1_S7_2	Q9NYF8	BCLAF1	9774	BCL2 associated transcription factor 1	Y284.S290	86.96;99.92		YSGGSRYSFQSNPS	0.16127	0.178153	0.1866	0.133166	0.130137	0.06483	0.109378	0.175341	0.623799	0.200768	0.484477	-0.68085
Q9NYJ8	aiGNNSATPR_S9_1	Q9NYJ8	TAB2	23118	TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2	5450		98.87	IGNNSATPRVQVSP	0.157471	0.195602	0.236902	0.116017	0.144317	0.15963	0.139888	0.206259	0.690758	0.665908	0.047036	-0.53375
Q9NYJ8	kIsmsGDDAAYTQALLVHKQ_S3_1	Q9NYJ8	TAB2	23118	TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2	5524		98.79	ISETRKLMSGSDDA	0.191701	0.223416	0.191559	0.119627	0.129891	0.110453	0.11999	0.202226	0.593349	0.438426	0.002367	-0.75305
Q9NYJ8	kIsmsGDDAAYTQALLVHKQ_S3_S6_1	Q9NYJ8	TAB2	23118	TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2	5524.S527	50:50		ISETRKLMSGSDDA	0.183162	0.24235	0.190258	0.093811	0.121916	0.098129	0.104619	0.215527	0.509698	0.359714	0.008135	-0.97229
Q9NYL2	nIsSQPSLEEMQQLR_S3_1	Q9NYL2	TAB2	23118	TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2	5582		89.61	RRLKRNSISQPSLE	0.17198	0.266223	0.260448	0.082955	0.156351	0.090149	0.109818	0.232884	0.471558	0.739486	0.032789	-1.08449
Q9NYL2	nIsLHNSR_S3_1	Q9NYL2	MAP3K20	56486	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 20	5648		94.97	ISETRKLMSGSDDA	0.259286	0.212836	0.284483	0.108536	0.102369	0.148067	0.119657	0.252201	0.617445	0.659271	0.003637	-1.07567
Q9NYV4	ehkPQQQYK_T3_1	Q9NYV4	CDK12	51755	cyclin dependent kinase 12	86472		100	SPEPKAIFPQQYK	0.186865	0.185915	0.162214	0.099849	0.148877	0.119066	0.122598	0.178331	0.687471	0.484393	0.023735	-0.54063
Q9NYV4	ehkPQVPLFR_S5_1	Q9NYV4	CDK12	51755	cyclin dependent kinase 12	5423		100	DEKESKSPVPLFR	0.15555	0.223253	0.185288	0.088188	0.129842	0.098248	0.105426	0.18033	0.560687	0.581796	0.027291	-0.83473
Q9NYV4	rPTMPEQEAAsPHILPPEK_T2_1	Q9NYV4	CDK12	51755	cyclin dependent kinase 12	T1244		90.15	DPGPRRTPTMPEQE	0.160105	0.179842	0.203548	0.1278	0.14301	0.095475	0.122095	0.181765	0.671719	0.932246	0.038404	-0.57407
Q9NYZ3	IVDVSPOGSGPSRVPQALNPSPEESDSTFK_S10_S1	Q9NYZ3	GTS1E	51512	G2 and S-phase expressed 1	5580.S583	49.64;49.64		GVSPDRGSGPSRVP	0.179521	0.181084	0.222916	0.135796	0.146461	0.121664	0.134034	0.197855	0.677435	0.430266	0.011544	-0.56185
Q9NZB2	nLTQNSYSNIPHGG_K_1	Q9NZB2	FAM120A	23196	family with sequence similarity 120A	T413		99.9	DSGKNLTEQNSYSN	0.184196	0.203381	0.153142	0.124133	0.145753	0.131258	0.133715	0.18024	0.741872	0.317711	0.043452	-0.43076
Q9NZB2	nOAAIQGGPPYAsAEEVAK_S14_1	Q9NZB2	FAM120A	23196	family with sequence similarity 120A	51023		99.82	RFPYAsAEEVAK	0.201285	0.19563	0.208993	0.12849	0.154402	0.144042	0.142312	0.203136	0.705085	0.397818	0.026206	-0.50413
Q9NZJ0	cNPSNSPSSAAcAPScAGDPLPNSPTPFSK_S6_S7_1	Q9NZJ0	DCL	51514	denticleless E3 ubiquitin protein ligase homolog	5443.S444.5446.S4_24.86;24.86;24.86;24.86		99.24	AKCPSTPSPSSAAc	0.188407	0.177366	0.194453	0.114294	0.141694	0.156204	0.137397	0.187742	0.73184	0.365233	0.207518	-0.4504
Q9NZJ4	dSAPSTPTsPTEFLTPLGR_S9_1	Q9NZJ4	SATC	26278	sacsin molecular chaperone	54264		99.24	SCPTPTsPTEFLTLP	0.259286	0.178726	0.244006	0.120297	0.179062	0.139186	0.147392	0.222226	0.692889	0.890955	0.031254	-0.5793
Q9NZJ4	YAsNVcFTTGLTEFGQK_Y1_1	Q9NZJ4	SACS	26278	sacsin molecular chaperone	Y2509		92.88	RKHALRYASNVcFT	0.250001	0.298204	0.29894	0.050822	0.105241	0.099887	0.105317	0.282382	0.302132	0.932966	0.01144	-1.72675
Q9NZM3	tvsPgsVSPHGGQGVENLK_S8_1	Q9NZM3	ITSN2	50618	intersectin 2	5884		98.43	RKALRYASNVcFT	0.169847	0.262655	0.199953	0.113665	0.138363	0.108203	0.082077	0.120181	0.569575	0.206837	0.034737	-0.81204
Q9NZM3	tvsPgsVSPHGGQGVENLK_S8_1	Q9NZM3	ITSN2	50618	intersectin 2	5884		68.99	TvsPgsVSPHGGQ	0.192686	0.25018	0.193031	0.121358	0.163861	0.107524	0.130914	0.211055	0.620284	0.875058	0.036395	-0.689
Q9NZM4	gSGPAPLPAKVDATSGUR_S3_1	Q9NZM4	BICRA	29998	BRD4 interacting chromatin remodeling complex associa	51413		100	AGRARSGPAPLPAK	0.279356	0.187945	0.24553	0.121405	0.160653	0.135506	0.139188	0.23675	0.585784	0.312311	0.027375	-0.77156
Q9NZZ3	dNLAAQGSFNmQANVTQSUK_S7_1	Q9NZZ3	CHMP5	51510	charged multivesicular body protein 5	586		100	RNLAAQGSFNmQAN	0.157359	0.203871	0.183131	0.081872	0.137804	0.071708	0.097128	0.181403	0.535278	0.600058	0.026454	-0.90164
Q9NZZ3	dNLAAQGSFNmQANVTQSUK_S7_1	Q9NZZ3	CHMP5	51510	charged multivesicular body protein 5	5886		100	RNLAAQGSFNmQAN	0.166794	0.200804	0.175492	0.108602	0.120982	0.0981	0.099228	0.18105	0.60337	0.951776	0.061154	-0.72889
Q9P013	qYSRSDPSHTK_Y2_S3_S4_1	Q9P013	CWC15	51503	CWC15 spliceosome associated protein homolog	Y30.S31.S32	33.33;33.33;33.33		LSQSKQYSRSDPSHT	0.342174	0.363986	0.17142	0.066212	0.104876	0.077	0.082696	0.295227	0.282896	0.069123	0.027618	-1.82627
Q9P0L0	qDGPMPKPhsVSLNDETR_S10_1	Q9P0L0	VAPA	9218	VAMP associated protein A	5164		98.77	QLSMPKPhsVSLNDE	0.170471	0.171614	0.224162	0.128791	0.141801	0.141732	0.137441	0.189491	0.7236	0.11993	0.04408	-0.46674
Q9P0L0	vAHSKDGSTASFR_S9_S11_1	Q9P0L0	VAPA	9218	VAMP associated protein A	S214.S216	45.48;45.48		AHSKDGSTASFR	0.255233	0.26201	0.26657	0.166044	0.156579	0.109357	0.143993	0.261701	0.55022	0.054312	0.02695	-0.86192
Q9P1Y5	apSPGMSRSLR_PGRS_S3_1	Q9P1Y5	CAMSAP3	57662	calmodulin regulated spectrin associated protein family	51074		82.98	RFTSPGMSRSLR	0.201561	0.282736	0.160891	0.117852	0.14945	0.12243	0.129911	0.197063	0.659236	0.400016	0.03165	-0.60113
Q9P1Y6	eAsPAPAQEGPREDLPTSR_S3_1	Q9P1Y6	PHRF1	57661	PHD and ring finger domains 1	51202		99.96	KGAVREASPAPAQEG	0.23462	0.202423	0.225345	0.075561	0.107289	0.093395	0.092082	0.220796	0.417045	0.958836	0.006631	-1.26173
Q9P1Y6	eAsPAPAQEGPREDLPTSR_PALGAEHVSPPEVATD																				

Q9UHF7_gSPSYQASGLGLTVPVSTGTEQTK_S2_1	Q9UHF7	TRPS1	7227 transcriptional repressor GATA binding 1	5803	98.41	GADILRGSFSYVQAS	0.153578	0.181494	0.210163	0.043594	0.083506	0.063115	0.063405	0.181745	0.348868	0.664488	0.004078	-1.51925
Q9UHF7_mQPLHIQIKSQQEOSTGDDPNSSVYEGK_S10_1	Q9UHF7	TRPS1	7227 transcriptional repressor GATA binding 1	51041	85.01	GLVCIKTKSQPQSTAD	0.145797	0.176883	0.178207	0.111067	0.113915	0.095317	0.106766	0.166962	0.639465	0.459486	0.00755	-6.64506
Q9UHF7_nmLAFSPAAGVGCPELkSPQR_S19_1	Q9UHF7	TRPS1	7227 transcriptional repressor GATA binding 1	5127	100	GCEPFLKSPQRAEAD	0.168765	0.151835	0.232313	0.076625	0.093566	0.092604	0.087597	0.184035	0.475282	0.905732	0.018269	-1.07315
Q9UHF7_rRGsGVCAncLITk_S4_1	Q9UHF7	TRPS1	7227 transcriptional repressor GATA binding 1	5892	100	LLRRRRRSQGVFCANV	0.182898	0.190249	0.165226	0.152181	0.117345	0.122626	0.130717	0.190469	0.728357	0.637479	0.020616	-0.45728
Q9UHF6_nNsVSGLVk_S3_1	Q9UHF6	DDX20	11218 DEAD-box helicase 20	5500	99.29	MALRRRRNLDKVSVC	0.210384	0.200297	0.189223	0.154738	0.151865	0.133785	0.146796	0.200601	0.737977	0.924735	0.004007	-0.44619
Q9UHR6_gAGPQLLEEDNAPGSDAAELEAPARPDPVSk_T21	Q9UHR6	ZNHIT2	741 zinc finger HIT-type containing 2	T161	99.77	LELAPATFDSVSKVD	0.200327	0.153832	0.185956	0.122207	0.141093	0.109259	0.124186	0.180038	0.689777	0.62282	0.027989	-0.5358
Q9UHR8_rkMEENTsINLk_S8_1	Q9UHR8	BAZ2A	29919 bromodomain adjacent to zinc finger domain 2B	S2043	99.25	KLMEENTsINLk_S8	0.175824	0.151555	0.177848	0.113926	0.099565	0.115917	0.109803	0.160409	0.652504	0.542154	0.000769	-0.61705
Q9UFI9_rksGSLNFSFSGDGR_S3_1	Q9UFI9	BAZ2A	11177 bromodomain adjacent to zinc finger domain 2A	S1747	90.22	KRGKPKRSVGLSINFS	0.228166	0.225343	0.215449	0.127893	0.115446	0.127934	0.123762	0.222986	0.555024	0.926209	0.624E-05	-0.84938
Q9UFI2_rRSISGTStSEKPNsMDTANTSPFK_S3_1	Q9UFI2	RASAL2	9462 RAS protein activator like 2	S16	100	RASAL2	0.216746	0.243386	0.196313	0.124911	0.148086	0.124149	0.132382	0.218815	0.604995	0.498749	0.030406	-0.725
Q9UFI2_rRSISGTStSEKPNsMDTANTSPFK_S3_S5_1	Q9UFI2	RASAL2	9462 RAS protein activator like 2	S16.S18			0.161913	0.209844	0.158379	0.10674	0.137556	0.102276	0.115524	0.176712	0.653743	0.617398	0.03768	-0.6132
Q9UFI2_sISGTStSEKPNsMDTANTSPFK_S1_1	Q9UFI2	RASAL2	9462 RAS protein activator like 2	S16	83.19	ERSPRRSISGTStSEK	0.176833	0.252422	0.210937	0.078777	0.105422	0.07718	0.087126	0.213397	0.408282	0.298794	0.005971	-1.29236
Q9UFI2_sISGTStSEKPNsMDTANTSPFK_S3_1	Q9UFI2	RASAL2	9462 RAS protein activator like 2	S18	61.31	SPRRRSISGTStSEK	0.175984	0.210877	0.227211	0.059278	0.092159	0.070187	0.073875	0.204691	0.360909	0.581156	0.001879	-1.47029
Q9UFI2_sISGTStSEKPNsMDTANTSPFK_S3_S8_1	Q9UFI2	RASAL2	9462 RAS protein activator like 2	S18.S23			0.576.5578	0.258129	0.190069	0.110235	0.087706	0.096003	0.245437	0.391153	0.448441	0.000585	-1.3542	
Q9UJI6_amStSISSPQPGk_S3_1	Q9UJI6	DBNL	28997 drebrin like	S269	92.94	KQKERAMSTTSSISP	0.255895	0.259609	0.180498	0.037766	0.055537	0.051563	0.048289	0.232001	0.20814	0.083652	0.002219	-2.62437
Q9UJI6_amStSISSPQPGk_S3_T4_T5_1	Q9UJI6	DBNL	28998 drebrin like	S269.T270.T271			32.75;32.75;32.75											
Q9UJI6_amStSISSPQPGk_S3_T4_T5_S6_1	Q9UJI6	DBNL	28999 drebrin like	S269.T270.T271.S2			24.96;24.96;24.96;24.96											
Q9UJI6_amStSISSPQPGk_S6_1	Q9UJI6	DBNL	29000 drebrin like	S272														
Q9UJI6_amStSISSPQPGk_T4_1	Q9UJI6	DBNL	29001 drebrin like	T270														
Q9UJI6_eRAMsTSSISPPQPGk_S5_T6_1	Q9UJI6	DBNL	29002 drebrin like	T270.T270			47.95;47.95											
Q9UJI6_qLQDPETHFRG_T3_1	Q9UJI6	DBNL	29003 drebrin like	T291														
Q9UJI6_qLQDPETHFRGPREAAISRPR_T3_1	Q9UJI6	DBNL	29004 drebrin like	T291														
Q9UJI6_qLQDPETHFRGPREAAISRPR_T7_1	Q9UJI6	DBNL	29005 drebrin like	T295														
Q9UJX2_nGEGTPTTEVPAPFLPASLANNTPRR_S19_S21_T	Q9UJX2	CDC23	8697 cell division cycle 23	S576.S578.T582.T5			24.99;24.99;24.99;24.99											
Q9UJX5_ikEEVLSSEAEQKQGAALAAPEVIK_S7_1	Q9UJX5	ANAPC4	29945 anaphase promoting complex subunit 4	S777														
Q9UJX5_ikEEVLSSEAEQKQGAALAAPEVIK_S7_S9_1	Q9UJX5	ANAPC4	29945 anaphase promoting complex subunit 4	S777.S779			50;50											
Q9UK58_aEKkSPINvK_S5_1	Q9UK58	CCNL1	57018 cyclin L1	S432														
Q9UK61_kNTQIQLSSPDVQNSLLEDK_S10_1	Q9UK61	TASOR	23272 transcription activation suppressor	S1552														
Q9UK61_kNTQIQLSSPDVQNSLLEDKTYLDESR_S10_1	Q9UK61	TASOR	23272 transcription activation suppressor	S1552														
Q9UK61_sDYQVFPSPFTDTLk_S8_1	Q9UK61	TASOR	23272 transcription activation suppressor	S978														
Q9UKA4_sVSPFTLNPnSDENLk_S3_T5_1	Q9UKA4	AKAP11	11215 A-kinase anchoring protein 11	S1242.T1244			49.9;49.9											
Q9UKA4_sVSPFTLNPnSDENLk_T5_1	Q9UKA4	AKAP11	11215 A-kinase anchoring protein 11	T1244														
Q9UKA4_sVcPESvTDEYAGHLIQLK_S3_S6_T8_1	Q9UKA4	AKAP11	11215 A-kinase anchoring protein 11	S1337.S1340.T134			31.05;31.05;31.05											
Q9UKJ3_gPKPEPAGSPPAPP_S11_1	Q9UKJ3	GPATCH8	5740 G-patch domain containing 8	S740														
Q9UKV3_sLVALPEQIASEEETPLPPLk_S12_1	Q9UKV3	ACIN1	22985 Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S410														
Q9UKV3_kAsLVALPEQIASEEETPLPPLk_S12_1	Q9UKV3	ACIN1	22985 Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S400														
Q9UKV3_kisVSAVtK_S3_1	Q9UKV3	ACIN1	22985 Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S825														
Q9UKV3_kPisSITTESLk_S3_1	Q9UKV3	ACIN1	22985 Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S863														
Q9UKV3_rAsHTLPSHR_S3_1	Q9UKV3	ACIN1	22985 Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S561														
Q9UKV3_rAsHTLPSHR_S3_T5_1	Q9UKV3	ACIN1	22985 Apoptotic chromatin condensation inducer 1	S561.S563			50;50											
Q9UKX7_nSESEMKAAETQsPSLFGSTk_S15_1	Q9UKX7	NUP50	10762 nucleoporin 50	S221														
Q9UKX7_vAAETQPSLFGSTk_S7_1	Q9UKX7	NUP50	10762 nucleoporin 50	S221														
Q9UKX7_vAAETQPSLFGSTk_T5_1	Q9UKX7	NUP50	10762 nucleoporin 50	T219														
Q9UL54_aGkLKDQVDAFLFDQPEK_S3_1	Q9UL54	TAOK2	9344 TAO kinase 2	S9														
Q9ULH0_aYLNRRPSTVTLLNNSAPANR_S9_1	Q9ULH0	KIDINS220	57498 kinase D-interacting substrate 220kDa	S1681														
Q9ULH0_hNSLWkSQTR_T10_1	Q9ULH0	KIDINS220	57498 kinase D-interacting substrate 220kDa	T1354														
Q9ULH0_gMsFDLTK_S3_1	Q9ULH0	KIDINS220	57498 kinase D-interacting substrate 220kDa	S1359														
Q9ULH0_rTSPNLSQSDSIEISk_S4_1	Q9ULH0	KIDINS220	57498 kinase D-interacting substrate 220kDa	S1359														
Q9ULH0_rPsvTLLNNSAPANR_S3_T4_1	Q9ULH0	KIDINS220	57498 kinase D-interacting substrate 220kDa	S1681.T1682			48.5;48.5											
Q9ULH0_vPkPEHSAEIPR_S4_S8_1	Q9ULH0	KIDINS220	57498 kinase D-interacting substrate 220kDa	S1555.S1559			50;50											
Q9ULH1_qASEDNDLTPETPLPVR_S6_1	Q9ULH1	ASAP1	50807 ArfGAP with SH3 domain, ankyrin repeat and PH domain	S1044														
Q9ULL5_aSAGAGGAGGQAYSPGQGLGPQAYGQGGGQ_Q	Q9ULL5	PRR12	57479 proline rich 12	S404														
Q9ULL5_gDGSELLAGGPPAERTEDEFIUHLQAPsPPR_S	Q9ULL5	PRR12	57479 proline rich 12	S651														
Q9ULL5_rDEDFILHLLQAPsPPR_S16_1	Q9ULL5	PRR12	57479 proline rich 12	S651														
Q9ULW0_rRMPEKEEDEDVPIV_S6_1	Q9ULW0	TPX2	22974 TPX2, microtubule nucleation factor	T499														
Q9ULW0_kRFDFETVSYVPLAQVDFHk_T3_1	Q9ULW0	TPX2	22974 TPX2, microtubule nucleation factor	T316														
Q9ULW0_sDQPLTPVPSk_S11_1	Q9ULW0	TPX2	22974 TPX2, microtubule nucleation factor	S738														
Q9UMZ2_rRSNLNNEKALPVIR_T5_1	Q9UMZ2	SYNRG	11276 synergin gamma	T1100														
Q9UMZ2_kEISGSENIETmTSLk_S4_1	Q9UMZ2	SYNRG	11276 synergin gamma	T931.S932			42.4;42.4											
Q9UMZ2_qLSLEGSGVEDLKDNTSPGk_S3_1	Q9UMZ2	SYNRG	11276 synergin gamma	S752														
Q9UMZ2_rSLsGDkEISR_S4_1	Q9UMZ2	SYNRG	11276 synergin gamma	S1075														
Q9UMZ2_rSLsGDkEISR_S3_1	Q9UMZ2	SYNRG	11276 synergin gamma	S1075														
Q9UMZ2_rSLsGDkEISR_S3_1	Q9UMZ2	SYNRG	11276 synergin gamma	T1100														
Q9UN7_sPLTQEQNLPLAMk_S1_1	Q9UN7	STUB1	10273 STUB1 homology and U-box containing protein 1	S273														
Q9UNN5_sPmPNAEENAGDALLQFAEFSR_S2_1	Q9UNN5	FAF1	11124 Fas associated factor 1	S320														
Q9UPN4_ikLsHEALLQSDER_S3_1	Q9UPN4	CEP131	22994 centrosomal protein 131	S731														
Q9UPN4_sGSPRPTPTDFLmLFEQSPGk_S1_1	Q9UPN4	CEP131	22994 centrosomal protein 131	S87														
Q9UPN4_sGSPRPTPTDFLmLFEQSPGk_S3_1	Q9UPN4	CEP131	22994 centrosomal protein 131	S89														
Q9UPT5_qYsQHGLDk_Y2_1	Q9UPT5	EXOC7	23265 exocyst complex component 7	Y282														
Q9UPT8_aAKPGPAEASPTASPGDASPATAPYDPR_S21_1	Q9UPT8	ZC3H4	23211 zinc finger CCH-type containing 4	S1114														
Q9UPT8_rGSGSPFAGNsPAREEQDASLk_S11_1</																		

Q43491_1	2037	erythrocyte membrane protein band 4.1 like 2	S87	92.44	PWLKQPK	0.2296	0.2065	0.2053	0.2309	0.1363	0.1568	0.1074	0.14672	0.10746	0.10959	0.08563	0.08889	0.63654	0.38567	0.87189	0.7222	0.00628	0.00157	-1.1483	-1.37457		
Q43516_1	7456	WAS/WASL interacting protein family member 1	S276	100	PPVGNRQ	0.22039	0.25549	0.24643	0.24077	0.15531	0.12861	0.18424	0.15608	0.08599	0.09728	0.08646	0.08991	0.64813	0.37343	0.8542	0.21878	0.01158	0.00107	0.62564	-1.4211		
Q43516_2	7456	WAS/WASL interacting protein family member 1	W1P1	99.45	RLPQRNL	0.26457	0.25414	0.24572	0.25014	0.15328	0.12986	0.16768	0.15608	0.08908	0.09376	0.08546	0.08913	0.62757	0.40031	0.87173	0.71747	0.00053	0.00026	0.67124	-1.2081		
Q43566_1	10366	regulator of G-protein signaling 14	S218	100	PKLKPKS	0.1838	0.21938	0.22428	0.21522	0.14365	0.12575	0.15994	0.15211	0.10778	0.11581	0.08502	0.11697	0.70677	0.54348	0.68523	0.76908	0.02349	0.02338	0.50068	-0.87971		
Q43572_1	1215	A kinase anchoring protein 10	S56	100	ATLKKQPS	0.2484	0.26509	0.19794	0.2295	0.1166	0.11926	0.12834	0.1584	0.1167	0.13309	0.09332	0.11623	0.69019	0.50646	0.50844	0.10121	0.05454	0.008	0.00329	0.98348	0.16123	
Q60293_1	196441	zinc finger CH1-type containing	S352	99.48	NKLNTRIS	0.19809	0.20033	0.22937	0.21522	0.15021	0.12873	0.1755	0.14955	0.06639	0.09127	0.09077	0.11685	0.21977	0.90077	0.67183	0.40778	0.8995	0.90397	0.20298	0.02101	-0.57383	-1.29412
Q60493_1	8724	soring nexin 3	S72	99.75	STVRSYR	0.23066	0.22501	0.201	0.21889	0.14248	0.14552	0.14874	0.14545	0.14344	0.13623	0.13936	0.13967	0.66446	0.6381	0.00758	0.10019	0.01242	0.00105	0.50974	0.64816		
Q75044_1	23380	SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2	S795.S796.50.50	48	GDVGYER	0.18773	0.23447	0.20645	0.20965	0.14717	0.12183	0.15282	0.14127	0.1285	0.14613	0.07218	0.1156	0.67386	0.5514	0.13988	0.54654	0.01375	0.02805	-0.58946	-0.85882		
Q75044_2	23380	SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2	S930	100	ATGARKS	0.18312	0.19637	0.20616	0.20851	0.13006	0.12404	0.14104	0.13171	0.08432	0.10916	0.06742	0.08697	0.63168	0.41708	0.58801	0.76572	0.00989	0.00343	-0.66272	-1.2616		
Q75113_1	9683	NEDD4 binding protein 1	T242	98.65	EARNKAG	0.1744	0.23623	0.23477	0.21619	0.14648	0.13993	0.15798	0.14813	0.16614	0.16012	0.16043	0.62553	0.68521	0.7518	0.08711	0.09521	0.00821	0.00885	-0.54539	-0.41157		
Q75152_1	9877	zinc finger CCHC-type containing 11A	S290	99.7	RLGKRFS	0.26226	0.2831	0.23032	0.26536	0.15242	0.18045	0.13455	0.15581	0.08138	0.09025	0.06659	0.07941	0.60235	0.30699	0.65294	0.33354	0.00728	0.00045	-0.73123	-1.70375		
Q75152_2	9877	zinc finger CCHC-type containing 11A	S290	86.02	MKTRRSL	0.23967	0.26249	0.2911	0.26855	0.12588	0.18479	0.21357	0.17472	0.09789	0.16011	0.09311	0.12244	0.65843	0.46414	0.82776	0.27056	0.00383	0.00412	-0.60289	-1.11588		
Q75152_3	9877	zinc finger CCHC-type containing 11A	S758	84.48	SMKTRRS	0.22574	0.27422	0.21603	0.23867	0.15828	0.16716	0.17227	0.15939	0.07786	0.12466	0.06457	0.11089	0.66782	0.37289	0.972	0.98919	0.01492	0.00426	-0.58247	-1.42316		
Q75179_1	26057	ankyrin repeat domain 17	S2401	97.71	SSGVARR	0.17462	0.24066	0.2009	0.22008	0.09655	0.15806	0.12503	0.08272	0.15008	0.09544	0.11008	0.60344	0.53613	0.54	0.95302	0.40664	0.00028	0.00028	-0.58773	-0.89956		
Q75376_1	9611	nuclear receptor corepressor 1	S158	92.7	KGHEAPS	0.2115	0.22549	0.26106	0.23868	0.14096	0.16477	0.17973	0.16382	0.116	0.14929	0.14774	0.13768	0.69545	0.59169	0.6457	0.10716	0.0886	0.00657	-0.52398	-0.75708		
Q75376_2	9611	nuclear receptor corepressor 1	S70	100	QQLRRSP	0.19799	0.25562	0.28111	0.24524	0.13909	0.17457	0.1806	0.16475	0.09921	0.12993	0.08039	0.10338	0.67218	0.42072	0.77864	0.51069	0.04456	0.00764	-0.5739	-1.24906		
Q75420_1	64599	GRB10 interacting GYF protein 1	S638	99.91	PTMSRSL	0.24625	0.27569	0.27839	0.26869	0.13231	0.15007	0.13942	0.12705	0.1383	0.10495	0.12343	0.52246	0.46253	0.04698	0.94688	0.01309	0.00595	-0.93661	-1.11238			
Q75427_1	4034	leucine rich repeats and calponin homology domain 1	S275.S279.99.95.87.1	ALGDAPS	0.37449	0.44001	0.39314	0.40545	0.16889	0.14407	0.15398	0.15565	0.18011	0.20906	0.09537	0.16152	0.38475	0.39925	0.0205	0.56552	0.03081	0.0038	-1.37802	-1.32462			
Q75427_2	4034	leucine rich repeats and calponin homology domain 1	S275.S279.99.95.87.1	ALGDAPS	0.37449	0.44001	0.39314	0.40545	0.16889	0.14407	0.15398	0.15565	0.18011	0.20906	0.09537	0.16152	0.38475	0.39925	0.0205	0.56552	0.03081	0.0038	-1.37802	-1.32462			
Q75592_1	23077	MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	S3424	76.2	DEMRYLV	0.19311	0.22368	0.17727	0.19802	0.11535	0.0808	0.16226	0.11947	0.12907	0.16226	0.1346	0.14211	0.60331	0.31766	0.42397	0.73644	0.04491	0.03101	-0.72903	-0.47762		
Q75592_2	23077	MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	S3424.T34.33.3.3.3	DEMRYLV	0.18123	0.2203	0.18234	0.19486	0.11274	0.07714	0.13375	0.10768	0.12278	0.15268	0.1456	0.14221	0.55362	0.31766	0.08846	0.66004	0.04091	0.02456	-0.85204	-1.04782			
Q75592_3	23077	MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	S3478	99.72	TFVQFSY	0.21762	0.20564	0.16772	0.20566	0.09045	0.10591	0.08988	0.09273	0.11889	0.09922	0.1092	0.09782	0.55116	0.40031	0.0258	0.14765	0.00303	0.00727	-1.1483	-1.05799		
Q75592_4	23077	MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	S3476	97.89	KTRVQFS	0.25698	0.22748	0.21346	0.23264	0.11993	0.08415	0.09998	0.10035	0.11425	0.07964	0.14265	0.11218	0.43137	0.48222	0.02116	0.62627	0.00159	0.00567	-1.20327	-1.50225		
Q75592_5	23077	MYC binding protein 2, E3 ubiquitin protein ligase	S3478	85.7	TFVQFSY	0.2167	0.22008	0.20187	0.21134	0.14264	0.09217	0.11402	0.11638	0.14235	0.09266	0.14056	0.12519	0.54601	0.37829	0.12607	0.22262	0.00346	0.00701	-0.87299	-0.76725		
Q94915_1	285527	FRY like transcription coactivator	S1957	90.50	RRGDRRR	0.19972	0.19981	0.18863	0.19606	0.13414	0.13362	0.12515	0.13097	0.0947	0.09838	0.09299	0.09536	0.66801	0.48638	0.45495	0.31056	0.00016	0.15E-05	-0.58205	-1.03986		
Q94915_2	285527	FRY like transcription coactivator	S1957.T15.50.50	RRGDRRR	0.24522	0.20966	0.175	0.20789	0.14274	0.15374	0.13923	0.14674	0.1204	0.09758	0.13181	0.1166	0.70279	0.55844	0.26873	0.36537	0.0479	0.0171	-0.58002	-0.84048			
Q95243_1	8930	methyl-CpG binding domain 4, DNA glycosylase	S138.S319.48.66.48.1	KKERSLKS	0.21233	0.18226	0.20633	0.20031	0.11494	0.10191	0.12349	0.11344	0.10934	0.13164	0.13301	0.12466	0.56635	0.62236	0.30642	0.82149	0.02039	0.00321	-1.82022	-0.68418			
Q95453_1	5073	poly(A)-specific ribonuclease	S557	99.49	NHYNRN	0.25999	0.24175	0.2465	0.24941	0.0881	0.11097	0.12406	0.11041	0.06512	0.12142	0.09301	0.10698	0.44268	0.42892	0.02291	0.61548	0.00183	0.00031	-1.76525	-1.21211		
Q95685_1	5509	protein phosphatase 1 regulatory subunit 3D	S23.S225	50.50	SKRLGPS	0.23928	0.28664	0.2724	0.2511	0.15163	0.13367	0.13723	0.14084	0.05658	0.10478	0.05555	0.073	0.56089	0.28793	0.72386	0.89328	0.0431	0.01812	-0.8442	-1.79621		
Q96072_1	4309	checkpoint kinase 1	S516	85.57	PLQVQPK	0.24851	0.23276	0.24416	0.23885	0.18489	0.16022	0.13003	0.16272	0.10138	0.09039	0.10581	0.1393	0.82319	0.7339	0.01032	1.5E-05	0.11252	-1.27254	0.09017	0.09017		
Q96512_1	3728	Jun proto-oncogene, AP-1 transcription factor subunit 3	S263	95.8	KNSDLTS	0.2896	0.30023	0.17824	0.29411	0.066	0.06411	0.1296	0.0847	0.1374	0.08978	0.05816	0.07389	0.33986	0.29267	0.13957	0.17122	0.01851	0.00962	-1.54946	-1.75503		
Q96622_1	1738	dihydrofolamide dehydrogenase	S506	100	LAASFQS	0.25678	0.23903	0.17901	0.22494	0.12763	0.03494	0.06303	0.07669	0.14039	0.13183	0.07194	0.14172	0.34093	0.51	0.33044	0.15154	0.01375	0.02592	-1.55245	-0.97142		
Q96622_2	1738	dihydrofolamide dehydrogenase	S506	47.35-47.1	GFHPWKR	0.37816	0.45285	0.35383	0.38489	0.26048	0.04859	0.1524	0.1816	0.0841	0.1133	0.10389	0.10043	0.74789	0.25428	0.30608	0.11504	0.01172	0.00600	-0.97738	-1.97549		
Q96622_3	1738	dihydrofolamide dehydrogenase	S506	91.43	HPWRKSS	0.35607	0.41188	0.28071	0.35622	0.2022	0.12931	0.13582	0.15578	0.10572	0.1227	0.07545	0.10129	0.43731	0.28435	0.09038	0.18226	0.01545	0.00509	-1.19327	-1.81426		
Q96744_1	4605	MYB proto-oncogene like 2	S393.T403.82.67.98.5	RGLIPLSP	0.17233	0.14987	0.20521	0.15824	0.119	0.12937	0.11148	0.11748	0.13025	0.10767	0.11977	0.11921	0.66813	0.67797	0.16483	0.28508	0.02037	0.00384	-0.58719	-0.56027			
Q96744_2	4605	MYB proto-oncogene like 2	S393.T403.82.67.98.5	RGLIPLSP	0.17233	0.14987	0.20521	0.15824	0.119	0.12937	0.11148	0.11748	0.13025	0.10767	0.11977	0.11921	0.66813	0.67797	0.16483	0.28508	0.02037	0.00384	-0.58719	-0.56027			
Q96744_3	4605	MYB proto-oncogene like 2	S393.T403.82.67.98.5	RGLIPLSP	0.17233	0.14987	0.20521	0.15824	0.119	0.12937	0.11148	0.11748	0.13025	0.10767	0.11977	0.11921	0.6										

Q12802_sAVLLVDETTATPIFANR_S1_1	Q12802	AKAP13	11214	A-kinase anchoring protein 13	S1876	100	QPKEPRRS	0.197	0.2159	0.23784	0.2571	0.13039	0.1007	0.09485	0.10865	0.0961	0.07695	0.1135	0.09552	0.50348	0.44263	0.0321	0.88041	0.00277	0.00164	0.49	-1.17582		
Q12802_sAVLLVDETTATPIFANR_S1_2	Q12802	AKAP13	11214	A-kinase anchoring protein 13	S1876	100	QPKEPRRS	0.2895	0.1269	0.27312	0.25984	0.12166	0.0891	0.12819	0.11238	0.1589	0.11259	0.09671	0.12363	0.34842	0.4758	0.12485	0.28555	0.00425	0.08999	-1.2015	1.07157		
Q12802_svsIQGNTGVGNMNTWK_S1_1	Q12802	AKAP13	11214	A-kinase anchoring protein 13	S1906	93.63	PLSKSVLS	0.29524	0.26939	0.17883	0.24781	0.13041	0.09533	0.11367	0.11314	0.08138	0.09528	0.06693	0.08139	0.45655	0.32843	0.1177	0.10598	0.01243	0.11011	-1.13116	1.60636		
Q12830_HLPLPLATATLSTTTTTVTAAGGTEQR	Q12830	BPIF	2186	bromodomain PHD finger transcription factor	T2388	88.04	VTXRFLLI	0.19941	0.19474	0.18099	0.19173	0.08577	0.11569	0.10493	0.11023	0.12829	0.09768	0.06893	0.0983	0.55273	0.51275	0.12932	0.1886	0.00098	0.00657	-0.90825	0.96367		
Q12830_sLTSATSTSRSSSPPAAQGGVQV_S1_1	Q12830	BPIF	2186	bromodomain PHD finger transcription factor	S2252	65.56	KLSTLRS	0.27783	0.28956	0.24954	0.27222	0.15456	0.15714	0.12371	0.14222	0.08671	0.09149	0.07111	0.07137	0.52187	0.29044	0.65632	0.7913	0.00263	0.00064	-0.82831	1.23295		
Q12968_kTSDQALAAK_S1_1	Q12968	NFATC3	4775	nuclear factor of activated T-cells 3	S344	96.48	PLKTRKTS	0.22074	0.20043	0.21189	0.23373	0.10857	0.14151	0.12057	0.11782	0.13319	0.11952	0.14949	0.09589	0.39823	0.65718	0.29339	0.59608	0.00015	0.00009	-0.84978	0.65024		
Q12968_kTSDQALAAK_S1_2	Q12968	NFATC3	4775	nuclear factor of activated T-cells 3	S344	88.47	PLKTRKTS	0.22146	0.23425	0.24778	0.24635	0.10949	0.16305	0.12008	0.13087	0.16013	0.13418	0.33386	0.44272	0.55803	0.60856	0.19678	0.68879	0.00457	0.01037	-0.84158	0.17653		
Q13029_79RPSQLQSPDLADG_T_1	Q13029	PTC2	7423	89.63 GTRKRSQ	T423	88.63	KLKPKSQS	0.21272	0.25108	0.25779	0.23243	0.17303	0.15864	0.161	0.15903	0.12519	0.10801	0.11408	0.6272	0.47133	0.33988	0.3282	0.00945	0.00074	-0.67031	-1.0821			
Q13094_eNDEDVHQRPPLQPPALPMSSAGDQI	Q13094	LCF2	3937	lymphocyte cytosolic protein 2	S338	5338	5338	25.25;25.25;	QPALLP	0.21881	0.24813	0.24338	0.23671	0.16065	0.16367	0.19376	0.17269	0.0626	0.98883	0.07169	0.07771	0.72396	0.3282	0.54495	0.28151	0.01005	0.00036	-0.45529	-1.60734
Q13112_127PSPVSTVSPVSTVSTVSPVSTVSPV	Q13112	CHP9	8208	chromatin assembly factor 1 subunit B	S538	79.38	PTDGAQ	0.21766	0.26895	0.27221	0.23661	0.16172	0.18064	0.16621	0.13774	0.17858	0.14481	0.15701	0.6415	0.43187	0.78266	0.20001	0.01464	-0.48396	-0.60440	0.477	0.477		
Q13177_sYLFPTPEKDFGSPGATLNAK_V1_1	Q13177	PAK2	5062	p62 (RAC1) activated kinase 2	S1939	5149	31.67	31.1	SNTVYKQ	0.15224	0.19024	0.19645	0.17596	0.12607	0.11108	0.14283	0.12636	0.13265	0.1289	0.14403	0.13519	0.7034	0.75257	0.00008	0.19335	0.03337	0.03784	-0.50758	-0.411
Q13188_nAESPQDFRPMDFQV_T_1	Q13188	STK3	6788	serine/threonine kinase 3	S123	31.68	42	GTMKRNA	0.26252	0.26589	0.20947	0.24964	0.13866	0.11548	0.14112	0.13123	0.10261	0.11834	0.15566	0.1133	0.5356	0.46066	0.02983	0.08198	0.00467	0.00279	-0.90079	-1.1821	
Q13206_nAENVEDVQSPSHNR_S1_1	Q13206	DDX10	1652	DEAD-box helicase 30	S851	93.57	GMRKRS	0.18987	0.17644	0.21866	0.20999	0.13091	0.12254	0.17896	0.14464	0.15619	0.15287	0.11663	0.17179	0.68946	0.72716	0.47674	0.97419	0.15151	0.00469	-0.55447	-0.45966		
Q13370_kSAAEAEVVPWR_S1_1	Q13370	PDE3B	5140	phosphodiesterase 3B	S279	5286	50.50	APLRHLS	0.18007	0.18471	0.20257	0.18189	0.12859	0.13399	0.16538	0.14662	0.12129	0.14788	0.13803	0.13573	0.75332	0.71693	0.60108	0.85692	0.24666	0.00644	-0.68666	-0.48001	
Q13370_rSdGSLGVLPEQSSR_S1_1	Q13370	PDE3B	5140	phosphodiesterase 3B	S442	82.1	TPQLRSL	0.27631	0.22441	0.28606	0.25893	0.16644	0.14662	0.14862	0.15389	0.07852	0.08852	0.1078	0.09828	0.59435	0.37958	0.66017	0.32507	0.01076	0.00281	-0.75623	-1.39752		
Q13442_rMQLNSK_Q_S1_1	Q13442	PDAP1	11333	PDGFA associated protein 1	S176	99.97	SLGKRMQ	0.30809	0.32241	0.29143	0.31073	0.18026	0.1355	0.19137	0.16004	0.08441	0.08853	0.07747	0.04431	0.55007	0.27141	0.22423	0.002	1.9E-05	-0.86231	-1.88143			
Q13501_s5SPQSCcSDPQGGVGGATGQAEQV	Q13501	SQSTM1	8878	sequestomins 1	S320	3304	5306	49.91;49.1	GGNVGEA	0.24155	0.26298	0.26404	0.25619	0.14368	0.2072	0.18476	0.17872	0.09577	0.177	0.09731	0.10026	0.69761	0.39135	0.8742	0.41437	0.01828	4.6E-05	-1.35345	0.345
Q13546_mQLNDLVAVPSR_S1_1	Q13546	RPK1	8737	receptor interacting serine/threonine kinase 1	S320	100	AVKWRMK	0.18393	0.16299	0.20797	0.19667	0.13699	0.09754	0.13918	0.12386	0.12565	0.15351	0.14496	0.14137	0.62883	0.71776	0.62883	0.10019	0.0068	-0.69225	-0.47842			
Q13546_rMQGLDcVAVPSR_S1_1	Q13546	RPK1	8737	receptor interacting serine/threonine kinase 1	S320	100	AVKWRMK	0.24552	0.22681	0.19741	0.22265	0.11187	0.06626	0.13081	0.10964	0.12093	0.16143	0.16412	0.14863	0.49113	0.66574	0.04134	0.98821	0.04005	0.02027	-1.02582	0.58966		
Q13546_rVSHQVFAQRPVEFNTEGK_S1_1	Q13546	RPK1	8737	receptor interacting serine/threonine kinase 1	S416	100	EEHRVRS	0.26975	0.17281	0.22288	0.26261	0.14794	0.10425	0.11272	0.13443	0.16169	0.08759	0.07088	0.09149	0.92825	0.40371	0.11395	0.49696	0.02461	0.00779	-0.75475	-1.30861		
Q13905_cgRPSRPSRPSRPSRPSRPSRPSRPSR	Q13905	RAP1G1F	2889	Rap guanine nucleotide exchange factor 1	T216	5217	49.21;49.1	KGGRVSP	0.15522	0.16059	0.1819	0.16697	0.11711	0.10087	0.14437	0.11448	0.07873	0.08608	0.11032	0.09171	0.72759	0.54925	0.97873	0.75232	0.2947	0.044	-0.45881	-0.86445	
Q14149_hLSEGTNSVYATR_S1_1	Q14149	MORC3	23515	MORC family CW-type zinc finger 3	S514	100	SVPRHLS	0.27425	0.23254	0.21994	0.23987	0.16805	0.15076	0.09915	0.13932	0.1352	0.13312	0.11446	0.27674	0.58082	0.52314	0.35901	0.25136	0.02029	0.0037	-0.78933	-0.91013		
Q14149_rSLTSLNLK_S1_1	Q14149	MORC3	23515	MORC family CW-type zinc finger 3	S464	5550	5550	62.19;61.9	NKSLRKL	0.3862	0.26288	0.26717	0.30542	0.18447	0.14446	0.09114	0.13459	0.06758	0.0502	0.08113	0.06960	0.44066	0.26712	0.12654	0.40875	0.01116	0.02657	-1.18225	-1.23978
Q14149_sSLNLK_S1_1	Q14149	MORC3	23515	MORC family CW-type zinc finger 3	S464	5550	5550	62.19;61.9	NKSLRKL	0.3862	0.26288	0.26717	0.30542	0.18447	0.14446	0.09114	0.13459	0.06758	0.0502	0.08113	0.06960	0.44066	0.26712	0.12654	0.40875	0.01116	0.02657	-1.18225	-1.23978
Q14289_rHSMREEDFQPSR_S1_1	Q14289	PTC2B	2185	protein tyrosine kinase 2 beta	S778	100	HNFVKRF	0.25353	0.19741	0.17339	0.20105	0.10589	0.06804	0.10905	0.09443	0.11544	0.15877	0.1377	0.1373	0.348	0.50564	0.01992	0.33167	0.01238	0.01212	-1.52848	-0.98125		
Q14498_rYRSPGPK_Y_S1_1	Q14498	RM39	9584	RNA binding motif protein 39	Y99	99.09	RGYRNSPY	0.1627	0.18745	0.17813	0.17609	0.1281	0.09365	0.13803	0.11904	0.09992	0.11777	0.11905	0.11225	0.68112	0.63743	0.03036	0.84883	0.02125	0.02255	-0.55401	-0.64965		
Q14653_sPLNDTPFPMGLGPKSLR_S1_1	Q14653	IRF3	3163	interferon regulatory factor 3	S173	87.17	PCQPLRS	0.19081	0.2025	0.18643	0.19629	0.13454	0.11615	0.13357	0.12807	0.11837	0.13747	0.07592	0.11058	0.66275	0.57224	0.71818	0.13015	0.01015	0.1714	-0.59346	-0.80361		
Q14676_rRSVKTPEVTPVTFALQPSSTDRP_V1	Q14676	MDC1	13192	mediator of DNA damage checkpoint 1	S1192	45.71	QVTRGRK	0.23897	0.251	0.29708	0.26235	0.13688	0.16009	0.13234	0.1431	0.14476	0.11427	0.16148	0.14017	0.54546	0.34249	0.20201	0.75715	0.01001	0.00555	-0.87445	-1.9043		
Q14676_rSVKTRVETVPTALQPSSTDRP_V1	Q14676	MDC1	13192	mediator of DNA damage checkpoint 1	T1201	49.3	SSVTKPET	0.26483	0.23978	0.29094	0.26094	0.15804	0.17149	0.12653	0.15002	0.15867	0.12968	0.19149	0.15995	0.65571	0.60316	0.21016	0.62245	0.0056	0.01444	-0.82186	-0.7294		
Q14676_rSVKTRVETVPTALQPSSTDRP_V1	Q14676	MDC1	13195	mediator of DNA damage checkpoint 1	S1195	68.56	RGRKSSR	0.19634	0.22022	0.32441	0.24699	0.1463	0.10659	0.14077	0.13122	0.12057	0.09909	0.10532	0.10833	0.53128	0.28958	0.30525	0.19729	0.02533	0.01244	-1.9043	-1.9043		
Q14676_rNSRSKTPESVPIALQPSSTR_S1_1	Q14676	MDC1	13195	mediator of DNA damage checkpoint 1	S1563	515	515	42.7;42.5	RGRTRNS	0.25666	0.26294	0.20369	0.25776	0.1704	0.1347	0.15985	0.15498	0.1115	0.11646	0.13545	0.12114	0.60126	0.46996	0.30038	0.24533	0.00071	6.2E-05	-0.73394	-1.0894
Q14676_rNSRSKTPESVPIALQPSSTR_S1_2	Q14676	MDC1	13195	mediator of DNA damage checkpoint 1	S1564	515	515	42.7;42.5	RGRTRNS	0.17893	0.21833	0.22317	0.20622	0.12321	0.11089	0.15836	0.13082	0.11026	0.11942	0.16146	0.63436	0.56473	0.10973	0.01875	0.03006	-0.65619	-0.62248		
Q14738_rkSLPDQVYTR_S1_1	Q14738	PP2R5D	5528	protein phosphatase 2 regulatory subunit B delta	S573	100	KVLLRKS	0.23768	0.22254	0.19084	0.21207	0.12836	0.13223	0.10962	0.1234	0.10669	0.11486	0.10236	0.10797	0.56861	0.49752	0.06146	0.13174	0.00376	0.01058	-0.81449	-1.00716		
Q14938_rSLTPSSDITL_S1_1	Q14938	NIH	4784	nucleolar protein 1 X	S265	99.82	QVTLGRG	0.22064	0.17881	0.21145	0.20397	0.09955	0.10379	0.11317	0.1055	0.10596	0.11572	0.13684	0.11951	0.51726	0.58959	0.10504	0.70393	0.0097	0.00533	-0.95104	-0.77127		
Q15003_rSrvFDLQSDTSPR_S1_1	Q15003	NACAP	23397	non-SMC condensin I complex subunit 3	S70	100	ERLQRKS	0.22993	0.23682	0.18186	0.2162	0.14742	0.17398	0.13596	0.15245	0.14998	0.14386	0.12557	0.13981	0.70518	0.66666	0.12349	0.30501	0.36567	0.01524	-0.50403	-0.62894		
Q15042_kHSASDVTNVDGDKG_S1_1	Q15042	RABGAP1	23920	RAB3 GTPase activating protein catalytic subunit	S537	91.48	RDEGRKTS	0.22881	0.2025	0.226	0.2191	0.10964	0.16088	0.13101	0.13383	0.1455	0.1524	0.16017	0.15269	0.61081	0.69687	0.38855	0.41039	0.01324	0.00208	-0.712	-0.52105		
Q15042_kHSASDVTNVDGDKG_S1_2	Q15042	RABGAP1	23920	RAB3 GTPase activating protein catalytic subunit	S537	5539	48.58;48.1	RDEGRK																					

Q6PKG0_rCpQSSRRPAAMISQPTPTGQVPREDA	Q6PKG0	LARP1	23367	La ribonucleoprotein domain family member 1	S1056	60.67	EQRRKPCS	0.22763	0.18598	0.20393	0.20855	0.10949	0.14575	0.13905	0.12776	0.08574	0.14856	0.121	0.126	0.62066	0.6121	0.17516	0.09189	0.06078	0.00915	-0.68813	0.70815	
Q6PKG0_rCpQSSRRPAAMISQPTPTGQVPREDA	Q6PKG0	LARP1	23367	La ribonucleoprotein domain family member 1	S1056	51.0	24.6124	EQRRKPCS	0.22806	0.20505	0.18975	0.20762	0.10989	0.13018	0.15991	0.13333	0.12431	0.15073	0.1167	0.13058	0.64216	0.62893	0.2821	0.92324	0.15335	0.0071	-0.69	0.63904
Q6PKG0_rCpQSSRRPAAMISQPTPTGQVPREDA	Q6PKG0	LARP1	23367	La ribonucleoprotein domain family member 1	S1058	51.6	30.58130	RKRCPSQS	0.19848	0.19483	0.19264	0.19522	0.10507	0.13586	0.1461	0.12324	0.11088	0.15031	0.10553	0.13258	0.66204	0.62617	0.26801	0.92928	0.0057	0.38282	-0.59501	0.67538
Q6PKG0_rCpQSSRRPAAMISQPTPTGQVPREDA	Q6PKG0	LARP1	23367	La ribonucleoprotein domain family member 1	S1059	51.0	40.1540	KRCPSQS	0.25652	0.19748	0.23617	0.23006	0.10954	0.12752	0.13354	0.1382	0.1443	0.14639	0.13315	0.14128	0.60072	0.61411	0.101591	0.10661	0.01219	0.01755	-0.7522	0.70342
Q6PKG0_rCpQSSRRPAAMISQPTPTGQVPREDA	Q6PKG0	LARP1	23367	La ribonucleoprotein domain family member 1	S1059	51.6	29.1729	KRCPSQS	0.27448	0.19996	0.23139	0.23523	0.11573	0.15423	0.1536	0.14096	0.14845	0.15571	0.1129	0.14429	0.59917	0.63126	0.22126	0.23978	0.0059	0.01589	-0.7389	0.70393
Q6LUV7_NSPSQATLNK_S1_1	Q6LUV7	CR1C3	64784	CREB regulated transcription coactivator 3	S329	100	SQLOSSRS	0.26094	0.19787	0.19662	0.22564	0.11951	0.12165	0.11044	0.14246	0.12251	0.15447	0.09458	0.12088	0.5386	0.66136	0.75815	0.05511	0.1183	0.07915	-0.97915	0.90078	
Q6LUV7_NSPSQATLNK_S1_4	Q6LUV7	CR1C3	64784	CREB regulated transcription coactivator 3	S329	533.23	50.50	SQLOSSRS	0.34065	0.23343	0.24789	0.27065	0.10284	0.12509	0.09207	0.11567	0.14138	0.12188	0.0975	0.12026	0.42736	0.44432	0.15118	0.22444	0.01822	0.01655	-1.22648	-1.17034
Q6LUV7_R0RPPGPOPEVWQLQR_S6_1	Q6LUV7D8	C1RC6F54	248397	chromosome 16 encoding read frame 54	S194	100	ARQRQP	0.23053	0.21263	0.19694	0.21061	0.14258	0.15298	0.15104	0.1412	0.15074	0.15744	0.16709	0.15848	0.66073	0.74159	0.59076	0.38049	0.05557	0.06608	-0.59786	-0.41343	
Q6W2K4_gSGLNLFEDVQITEAPEEK_S3_1	Q6W2K4	RAB11FP1	80223	RAB11 family interacting protein 1	S1059	51.0	AVRSRQ	0.21297	0.19871	0.20551	0.20753	0.14537	0.14511	0.17022	0.15416	0.08868	0.11305	0.11125	0.10433	0.74936	0.5071	0.7756	0.34201	0.06631	0.00043	-0.41628	-0.97966	
Q6W2K4_sKNDVLSRsNVCNNGNHYVLEQPEAK_S4_1	RAB11FP1	RAB11FP1	80223	RAB11 family interacting protein 1	S103	533.51	50.50	RSKNDVLS	0.30695	0.22874	0.20522	0.20654	0.15253	0.14104	0.09868	0.12078	0.12873	0.12057	0.12869	0.46164	0.49184	0.14385	0.47701	0.15175	0.04005	-1.11515	-1.02373	
Q6W2K4_sNVCNNGNHYVLEQPEAK_S1_1	Q6W2K4	RAB11FP1	80223	RAB11 family interacting protein 1	S315	100	KNDVLSRS	0.32592	0.24655	0.23944	0.27164	0.12915	0.15067	0.11007	0.12396	0.09908	0.13954	0.08664	0.09309	0.48021	0.34395	0.08092	0.03121	0.09409	0.022	-1.05825	-1.53973	
Q6ZM18_sLPSAGSSGGDQKLEKPEKGR_S3_1	Q6ZM18	AEBP2	121236	AE binding protein 2	S141	86.03	QSDTRSLS	0.17796	0.2373	0.21903	0.21043	0.10016	0.16179	0.14282	0.13492	0.14409	0.13857	0.12799	0.13688	0.63813	0.6474	0.10576	0.1351	0.02907	0.01482	-0.64809	-0.62772	
Q6ZM18_sLPSAGSSGGDQKLEKPEKGR_S3_1	Q6ZM18	AEBP2	121236	AE binding protein 2	S1025	90.34	PRAPRS	0.25977	0.23955	0.20377	0.23436	0.11289	0.07807	0.11776	0.10772	0.10309	0.12719	0.15146	0.12725	0.46007	0.54294	0.17173	0.84208	0.04696	0.06761	-1.1209	-0.88112	
Q6ZM18_sLPSAGSSGGDQKLEKPEKGR_S3_1	Q6ZM18	PK3P41	118788	phosphoinositide-3-kinase adaptor protein H	S682	100	IVPWRHS	0.24044	0.17151	0.24919	0.19257	0.13225	0.16603	0.14352	0.14772	0.11916	0.12111	0.10292	0.10776	0.67571	0.49444	0.22229	0.11434	0.0489	0.00655	-1.55293	-1.01615	
Q6ZM18_sLPSAGSSGGDQKLEKPEKGR_S3_1	Q6ZM18	PK3P41	118788	phosphoinositide-3-kinase adaptor protein H	S759	176.8	44.4444	IVPWRHS	0.20819	0.20319	0.24632	0.1198	0.09968	0.06697	0.12618	0.13085	0.15414	0.15201	0.12164	0.1426	0.59531	0.64877	0.11664	0.76053	0.01975	0.01053	-0.74209	-0.62422
Q72333_1KLEPESYDDMVTQYVNYNPEK_S16_1	Q72333	SETX	23064	senataxin	S333	90.75	LDDMVTQ	0.23529	0.27255	0.23606	0.24797	0.19163	0.11293	0.16299	0.15585	0.0834	0.1044	0.12498	0.10426	0.62851	0.42045	0.59307	0.57622	0.02417	0.0112	0.67	-1.24999	
Q72718_1NEI0SPSPVPEK_S1_1	Q72718	ZFVFE16	9765	zinc finger FYVE-type containing 16	S946	100	SPSQVTS	0.22851	0.20429	0.20867	0.21387	0.11803	0.14188	0.14989	0.11855	0.14045	0.16004	0.13958	0.701	0.65279	0.24477	0.57826	0.0217	0.06625	-0.51251	-0.6153		
Q72717_1YEI0SQNPASPNTLGSQAK_T16_1	Q72717	NUPF2	57532	NUPF2, FMR1 interacting protein 2	S633	90.05	PLASPNT	0.23765	0.22807	0.19509	0.22027	0.13481	0.11318	0.1723	0.1401	0.15271	0.14981	0.14933	0.15062	0.63603	0.68378	0.15179	0.01331	0.02048	0.01836	-0.65283	-0.54839	
Q72460_1F5R9QEDLNLEPKR_S3_1	Q72460	CLASP1	21196	23332 cytoplasmic linker associated protein 1	T1696	99.28	IEKFRSSQ	0.17582	0.21857	0.15734	0.18224	0.11325	0.09049	0.14608	0.11781	0.12472	0.13182	0.11414	0.12339	0.66904	0.69227	0.20095	0.26243	0.03836	0.01655	-0.54205	-0.57039	
Q72460_1S5S0QESLNLRSLAS_S4_1	Q72460	CLASP1	21196	23332 cytoplasmic linker associated protein 1	S558	75.97	QSDRSSS	0.24523	0.19277	0.27074	0.23856	0.15335	0.15006	0.17047	0.15796	0.15911	0.14221	0.1387	0.14667	0.66215	0.48101	0.93728	0.16852	0.02027	0.01333	-0.59478	-0.70179	
Q72460_1S5S0QESLNLRSLAS_S4_1	Q72460	HDGF19	84717	HDGF family 19	S454	99.96	VEKTRKRS	0.19644	0.21298	0.19017	0.19963	0.112	0.10586	0.11246	0.11011	0.12206	0.08654	0.10468	0.55157	0.5239	0.20783	0.1111	0.00274	0.00177	-0.85888	-0.93265		
Q72519_1GTLALNHHGHSQGFPEEK_S12_1	Q72519	IRF2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	S318	100	ALHGHG	0.44037	0.48355	0.27402	0.38558	0.07874	0.05954	0.06112	0.06276	0.08579	0.06654	0.07039	0.66691	0.7316	0.17443	0.00051	0.02173	0.00625	-2.5383	-2.51298		
Q72519_1NSNHPSSPMNQKR_S3_55_2	Q72519	IRF2BP2	359948	interferon regulatory factor 2 binding protein 2	S455	5457	99.9992	HTSTRNS	0.18118	0.17549	0.17125	0.15977	0.12118	0.14134	0.13195	0.13149	0.12205	0.11528	0.11173	0.11636	0.74723	0.66126	0.78708	0.9505	0.00238	0.0414	-0.42038	-0.59671
Q729P3_1R4B4	Q729P3	RAB4P1	401258	RAB44, member RAS oncogene family	S444	99.77	DPDGAPR	0.14141	0.2402	0.14534	0.16365	0.08038	0.07319	0.09171	0.09129	0.0876	0.0914	0.04706	0.07536	0.58785	0.46047	0.11885	0.65614	0.03162	0.0235	0.4404	-1.11882	
Q86XK8_1SPKSLFLAYSPNSR_S4_1	Q86XK8	CEP57	9702	centrosomal protein 57	S55	81.98	SDLRSPS	0.20604	0.23625	0.2089	0.21706	0.16489	0.17076	0.14398	0.15974	0.14005	0.12701	0.13265	0.13324	0.73687	0.61883	0.24013	0.26636	0.01064	0.00126	-0.46053	-0.70408	
Q86YV5_1SGHWWPLAGLAKR_S2_1	Q86YV5	PRAG1	157285	PEAK1 related, kinase-activating pseudokinase 1	S889	100	LEKAFKRS	0.3302	0.34829	0.34902	0.34107	0.16883	0.17327	0.18209	0.16273	0.10747	0.14791	0.13467	0.10305	0.47712	0.38305	0.22158	0.34226	0.00205	0.0001	-1.04578	-1.38441	
Q86YV5_1SASFAPEPK_S1_1	Q86YV5	PRAG1	157285	PEAK1 related, kinase-activating pseudokinase 1	S694	5696	50.50	VGTGMK	0.26723	0.21652	0.20361	0.24412	0.16946	0.1672	0.14719	0.06644	0.08064	0.08173	0.07814	0.6054	0.32009	0.77095	0.11629	0.29203	0.00151	-0.72403	-1.63437	
Q86YV5_1KPEPEPQPLPSLQNASLLDTSKSS_S11	Q86YV5	DENND1	79958	DENN domain containing 1	S1693	5627	42.3542	EPEPPLS	0.21548	0.19178	0.20718	0.20481	0.12829	0.10764	0.14179	0.06413	0.08872	0.0881	0.2929	0.69285	0.45356	0.85759	0.85627	0.0044	0.00646	-0.52938	-1.40638	
Q8W52_1KRLTIDDELDFPFR_S4_1	Q8W52	SUTRKA	139065	SLT and NTRK like family member 4	S741	92.41	VDFTRKRS	0.22251	0.29609	0.24002	0.25231	0.16857	0.17748	0.15331	0.14645	0.07405	0.1112	0.08804	0.08443	0.57839	0.33343	0.582	0.5482	0.01611	0.00281	-1.79988	-1.58453	
Q8W52_1KRLTIDDELDFPFR_S4_1	Q8W52	MAP7D3	79649	MAP7 domain containing 3	S185	1186	49.62489	TAKWRKS	0.20842	0.26552	0.28701	0.13688	0.14866	0.16132	0.14893	0.09716	0.14779	0.1199	0.12162	0.58486	0.61677	0.43168	0.51649	0.01294	0.00868	-0.73784	-1.06518	
Q8W52_1KRLTIDDELDFPFR_S4_1	Q8W52	TRM122	3046	triglycine motif containing 22	S388	5384	50.50	SLNKRKS	0.23427	0.19398	0.25402	0.06754	0.07575	0.04629	0.06529	0.03632	0.0442	0.08043	0.04418	0.72776	0.73933	0.55644	0.21004	0.08083	0.0037	-1.87429	-2.52345	
Q8N122_1S5YSQGNR_S4_1	Q8N122	RPTOR	57521	regulatory associated protein of mTOR complex 1	S722	95.4	PKRYSVS	0.23654	0.23155	0.25115	0.23975	0.17379	0.15835	0.15372	0.16195	0.09498	0.12564	0.09966	0.10676	0.67552	0.44529	0.83292	0.55111	0.00077	0.00229	-0.56593	-1.16717	
Q8N122_1S5YSQGNR_S4_1	Q8N122	NF870	59523	zinc finger protein 687	S495	93.18	TVSRVTS	0.24213	0.27694	0.18528	0.23478	0.11595	0.14637	0.15716	0.13982	0.04899	0.09298	0.09718	0.08181	0.59554	0.34846	0.93943	0.54867	0.32026	0.00177	-4.72022	-5.00933	
Q8N4C8_1GTRKPPQAPPPGPPNPNDLR_S2	Q8N4C8	MINK1	50848	mishakin like kinase 1	S733	91.79	PGPMMN																					

QB06F6_1h6GFGQDGRSGPPPPVGLK_S10_1	QB06F6	SENP7	511	98.98	RKLGRRPS	0.25346	0.19973	0.24445	0.22321	0.11863	0.1418	0.173	0.15105	0.09647	0.08488	0.0931	0.6481	0.39922	0.63398	0.11219	0.026	0.00133	-0.2757	-1.32473		
QB06F6_LDKVSLLEETAGVPSAPQQSGR_T1_T10_1	QB06F8	PYM1	84305	PYM homolog 1, exon junction complex associated fac	T112.T121.47.05.47. EAELASRT	0.19143	0.2396	0.22443	0.1489	0.12201	0.12183	0.17661	0.14050	0.10299	0.1389	0.13014	0.12401	0.64145	0.56759	0.60708	0.73256	0.02757	0.00613	-0.6060	-0.81708	
QB06F6_hkrSLSDQAEAPGSGDTE_S3_S6_1	QB06V6	UTP14A	10813	UTP14A, small subunit processome component	S434.S437.S0.50.47	0.29653	0.28785	0.2985	0.25629	0.21562	0.21685	0.16344	0.13705	0.12161	0.13669	0.13154	0.08456	0.53625	0.63715	0.63104	0.8054	0.0082	0.04307	-0.89001	-0.6503	
QB06V19_aPQLPQLSGR_S3_1	QB06V19	KFC1	3833	kinesin family member C1	S26	100	RPLKAPAS	0.42599	0.39317	0.24897	0.35604	0.09822	0.05338	0.05601	0.0692	0.07022	0.08351	0.07186	0.07513	0.19436	0.11001	0.0047	0.01142	0.00743	0.03483	-2.3652
QB06V19_IPAKELPSSSPANNIR_S3_1	QB06V19	PAP0LG	64895	poly (A) polymerase gamma	S708	100	SRKKPLPS	0.15939	0.21386	0.22914	0.22222	0.19328	0.13032	0.12123	0.14285	0.12694	0.12404	0.18861	0.14652	0.69024	0.25885	0.38127	0.00932	0.04839	0.57165	0.53464
QB06V19_LrHPeLPOSSPANNIR_S3_1	QB06V19	PAP0LG	64895	poly (A) polymerase gamma	S708	98.76	SRKKPLPS	0.24661	0.22662	0.27864	0.29429	0.11889	0.12585	0.15035	0.12927	0.1254	0.11242	0.18537	0.14106	0.15585	0.65865	0.06712	0.08556	0.00737	0.17147	-0.94741
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343
QB06V19_gSLPDSGLTLEWPK_S3_1	QB06V4	OSB11	114885	oxysterol binding protein like 11	S289	83	HOGKSLP	0.26881	0.29326	0.23882	0.26697	0.14615	0.11983	0.15777	0.14125	0.10652	0.1425	0.02889	0.09263	0.52908	0.34699	0.20005	0.36132	0.00288	0.00926	-0.18343

5. Phosphites downregulated at DAPK3 consensus site (R/K-X-X-S/T) in shDAPK3#1 cells (165 genes) (P<0.05, log2FC<-0.4)

16 proteins in red character have phosphosites corresponds to both DAPK3 consensus and IKK consensus (S-X-X-S/T)

Protein	Gene	Gene ID	Description	Prot_Loc	PTM_Score	Flank_Seq	R/K-X-X-S/T	S-X-X-S/T	shControl	shControl	shControl	shDAPK3#	shDAPK3#	shDAPK3#	shDAPK3#	shControl_FC	F test	P value	LogFC	
A0A0G2JK23	BAG6	7917	Large proline-rich protein BAG6	T1053	100	MPAKRRRTMQGEGPQ	R	A	0.223186	0.251044	0.219192	0.146726	0.131888	0.140124	0.139579	0.231141	0.603872	0.310137	0.001099	-0.72769
E7EVC7	ATG16L1	55054	Autophagy-related protein 16-1	S304	78.76	SDAARRRSTVSSFFVP	R	A	0.171396	0.187948	0.191746	0.134541	0.140589	0.13245	0.13586	0.183697	0.739588	0.264746	0.002043	-0.43521
F8VVT9	AGAP2	116986	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing	T647	50	HRAAKRRRTSDFANRR	K	A	0.253014	0.28169	0.169271	0.142136	0.087061	0.124159	0.117785	0.234658	0.501944	0.37553	0.035417	-0.9944
F8VVT9	AGAP2	116986	Arf-GAP with GTPase, ANK repeat and PH domain-containing	S648	50	RAAKRRRTSDFANRR	R	A	0.253014	0.28169	0.169271	0.142136	0.087061	0.124159	0.117785	0.234658	0.501944	0.37553	0.035417	-0.9944
H0Y9Y3	SYNPO2	171024	Synapopodin-2 (Fragment)	S544	99.68	AHAARAQSTPSSLRPA	R	A	0.238076	0.205604	0.209995	0.064005	0.095618	0.034767	0.046797	0.217892	0.297381	0.501995	0.001657	-1.74962
I3L2J0	CIC	23152	Protein capicua homolog	T472	100	APAAARARPTLTAQAQ	R	A	0.175546	0.262338	0.23606	0.104573	0.112369	0.142958	0.119967	0.224648	0.534022	0.344113	0.020712	-0.90503
Q9BXX1	KLF16	83855	Krueppel-like factor 16	S226	35.74	RPGARSTSPDLSLPC	R	A	0.232453	0.255797	0.261836	0.124996	0.159839	0.159485	0.148107	0.250029	0.592359	0.750824	0.002227	-0.75546
W0Z7M9	MRTFA	57591	Mkl1 variant 1 Mkl1_5	S368	81.41	CGLARQNSTSLTGKPK	R	A	0.225985	0.252861	0.219449	0.137514	0.11689	0.151283	0.135229	0.232765	0.580969	0.977299	0.002414	-0.78347
B7ZBB8	PPP1R3G	648791	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3G	S86	50	RCRARSSFLPADPIL	R	A	0.372386	0.280037	0.297685	0.165321	0.204169	0.182263	0.183918	0.316703	0.580727	0.27265	0.012063	-0.78407
Q6ZRV2	FAM83H	286077	Protein FAM83H	S1025	90.34	GPRARLSSATANALY	R	A	0.259773	0.23955	0.203769	0.126903	0.078968	0.117597	0.107823	0.234364	0.460605	0.890939	0.004521	-1.12009
Q9Z766	RREB1	6239	Ras-responsive element-binding protein 1	S1238	90.03	LLRAKRRSTYNTCLQK	K	A	0.216126	0.287761	0.231245	0.13712	0.125866	0.164325	0.142347	0.245044	0.581271	0.430443	0.014035	-0.78272
Q12789	GTF3C1	2975	General transcription factor 3C polypeptide 1	S1173	100	PLSARGNSRLNIWGE	R	A	0.20537	0.241067	0.158369	0.118287	0.090761	0.096015	0.101687	0.201602	0.504398	0.20854	0.017028	-0.98737
Q15365	PCBP1	5093	Poly(rC)-binding protein 1	S246	100	NQVARQQSHFAMMHG	R	A	0.236852	0.25486	0.175239	0.09826	0.096368	0.09491	0.096513	0.222317	0.434122	0.00323	0.034627	-1.20383
A8K727	PLEKHA2	59339	Pleckstrin homology domain-containing family A member 2	S349	98.41	KALCKAPSVASSWQP	K	C	0.274571	0.271285	0.176101	0.160336	0.084141	0.119188	0.121222	0.240652	0.503721	0.63484	0.037812	-0.9893
B7ZBB8	PPP1R3G	648791	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3G	S84	100	RRRCARSSFLPADP	R	A	0.308807	0.25683	0.2185	0.165579	0.121358	0.141069	0.142669	0.261379	0.545832	0.38567	0.015153	-0.87347
O94915	FRYL	285527	Protein furry homolog-like	S1957	90.58	RRGDRRRSTLNDLMD	R	D	0.199725	0.19981	0.188631	0.134135	0.13362	0.125148	0.130968	0.196055	0.668015	0.762406	0.00016	-0.58205
Q9BZ23	PANK2	80025	Pantothenate kinase 2, mitochondrial	S189	92.59	FRDRRLSYGSYPTFSV	R	D	0.22669	0.22301	0.204318	0.114812	0.131919	0.139344	0.128692	0.218006	0.590312	0.952473	0.000881	-0.76045
Q9P0L0	VAPA	9218	Vesicle-associated membrane protein-associated protein A	S214	45.48	AHSDRKPSTSTASFR	K	D	0.256523	0.26201	0.26657	0.070704	0.095489	0.102412	0.089535	0.261701	0.342126	0.166883	6.82E-05	-1.5474
P48382	RFX5	5993	DNA-binding protein RFX5	S308	99.99	ARGERKKSWSVEASP	R	E	0.224836	0.22821	0.195264	0.133474	0.129013	0.110894	0.12446	0.214307	0.580757	0.68754	0.001585	-0.78399
Q92608	DOCK2	1794	Dedicator of cytokinesis protein 2	S1592	100	KIHERKRSNDLRFPH	K	E	0.155028	0.136922	0.189077	0.057573	0.088856	0.087686	0.078038	0.160343	0.486698	0.619236	0.011049	-1.0389
O15042	U2SURP	23350	U2 snRNP-associated SURP motif-containing protein	S202	100	GEKEKKSNNLELPEK	K	E	0.195988	0.212214	0.234551	0.122604	0.134704	0.105038	0.120782	0.214251	0.563742	0.744923	0.002695	-0.82689
O95243	MBD4	8930	Methyl-CpG-binding domain protein 4	S318	48.66	KKKERLSSGGNFCPS	R	D	0.212333	0.182262	0.206328	0.114935	0.101909	0.12349	0.113445	0.200308	0.566354	0.636055	0.001452	-0.82022
Q12802	AKAP13	11214	A-kinase anchor protein 13	S1876	100	QPKERPSSAVLLVDE	R	E	0.210401	0.192801	0.156084	0.130645	0.108412	0.10568	0.114912	0.186429	0.616388	0.392439	0.16034	-0.69809
Q9UIJ6	DBNL	28988	Drebrin-like protein	S269	32.75	KQKERAMTSITSSP	R	E	0.280407	0.246683	0.203303	0.167998	0.127564	0.141345	0.145236	0.243464	0.596538	0.419195	0.017345	-0.74531
Q9H4L7	SMARCD1	56916	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator	S79	99.95	PDNERKASISYFKNQ	R	E	0.24465	0.267632	0.276765	0.130337	0.117483	0.118462	0.122094	0.263016	0.464207	0.315062	0.000172	-1.0716
J3KR55	PTPN7	5778	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 7 (Fragmen	S125	100	RLQRRGSSVALMDD	R	E	0.272025	0.20089	0.221338	0.142291	0.08802	0.116301	0.115537	0.231418	0.49926	0.709121	0.011664	-1.00214
G3V4K3	VIPA539	63894	Spermatogenesis-defective protein 39 homolog	T143	33.17	SSFFRGTRPFGGQSS	R	F	0.221562	0.302332	0.209497	0.124721	0.06514	0.128676	0.244464	0.434334	0.664256	0.017874	0.120312	-1.20312
Q9Y2L6	FRMD4B	23150	FERM domain-containing protein 4B	S628	91.79	RIHFRRKSSINQEVDF	R	F	0.223012	0.176394	0.195117	0.129583	0.117093	0.117905	0.121527	0.198174	0.613233	0.163037	0.005604	-0.70549
P35611	ADD1	118	Alpha-adducin	S726	99.76	KKKFRTPSFLKSSKK	R	F	0.217818	0.281647	0.20581	0.134087	0.092382	0.148305	0.124925	0.235092	0.531387	0.674135	0.018917	-0.91217
Q9YUE8	ADD3	120	Gamma-adducin	S693	99.76	KKKFRTPSFLKSSKK	R	F	0.240041	0.30014	0.240555	0.101096	0.075356	0.120157	0.098869	0.260245	0.379909	0.594971	0.002469	-1.39628
P51812	RP56KA3	6197	Ribosomal protein S6 kinase alpha-3	S386	100	HQLFRGFSFVAITSD	R	F	0.208358	0.260998	0.254823	0.159661	0.10406	0.135579	0.1331	0.241393	0.551383	0.968515	0.009439	-0.85887
Q15418	RP56KA1	6195	Ribosomal protein S6 kinase alpha-1	S380	100	HQLFRGFSFVAITGLM	R	F	0.231086	0.246596	0.213559	0.105602	0.070786	0.106985	0.094457	0.230414	0.409946	0.787396	0.000866	-1.28649
Q92576	PHF3	23469	PHD finger protein 3	S1578	98.96	VHFFRRGSAVATSHF	R	F	0.214591	0.215017	0.221775	0.13198	0.115355	0.14327	0.130202	0.217128	0.599655	0.152126	0.0005	-0.73779
Q14289	PTK2B	2185	Protein-tyrosine kinase 2-beta	S778	100	HNVFRGSRRAVEEDFI	K	F	0.253528	0.194408	0.173386	0.105871	0.133312	0.113626	0.117603	0.207108	0.567836	0.20772	0.024192	-0.81645
Q75044	SRGAP2	23380	SLIT-ROBO Rho GTPase-activating protein 2	S930	100	ATAGRSKSNHNNRPF	R	G	0.183115	0.236266	0.206155	0.130061	0.124038	0.141043	0.131714	0.208512	0.631684	0.189473	0.008982	-0.66272
O15042	RAB3GAP1	22930	Rab3 GTPase-activating protein catalytic subunit	S537	91.48	RDEGGKTKSASDVNTI	K	G	0.228813	0.202501	0.225999	0.109645	0.160837	0.131014	0.133832	0.219104	0.616814	0.479917	0.007449	-0.7112
Q9UKV3	ACIN1	22985	Apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus	S561	91.37	QKEGRRASHTLLPSH	R	G	0.263402	0.260698	0.252423	0.147287	0.171285	0.144296	0.154289	0.258841	0.596077	0.260116	0.000336	-0.74643
Q9NQ78	KIF13B	23303	Kinesin-like protein KIF13B	S1410	100	SNKGRWESQQDVSQT	R	G	0.203036	0.198736	0.136729	0.119957	0.093431	0.077408	0.096932	0.179501	0.54001	0.502369	0.02896	-0.88894
H0Y4E8	SIK3	23387	Serine/threonine-protein kinase SIK3 (Fragment)	S545	100	GPLGRASDGGANIQ	R	G	0.193131	0.217198	0.161077	0.136532	0.098729	0.116841	0.117367	0.190469	0.616203	0.621589	0.020237	-0.69852
P19634	SLC9A1	6548	Sodium/hydrogen exchanger 1	S599	48.05	GMGKIPSAVSTVMS	K	G	0.23596	0.19943	0.220641	0.144553	0.146898	0.107157	0.132869	0.218677	0.607606	0.807243	0.006757	-0.71879
Q66K74	MAP15	55201	Microtubule-associated protein 15	S472	100	EGPGRASKEVSGSR	R	G	0.198262	0.20267	0.199568	0.118171	0.113405	0.146159	0.125912	0.200167	0.629035	0.032227	0.017129	-0.66879
F5H269	DMXL1	1657	DM-X-like protein 1	S324	100	FRGRRRSLLALVHT	R	G	0.197372	0.2254	0.197043	0.156231	0.146157	0.128691	0.143693	0.206605	0.695497	0.845793	0.007054	-0.52388
Q9UBP0	SPAST	6683	Spastin	S268	33.33	SGHHRRAPSVYSLSMT	R	H	0.223007	0.188678	0.197913	0.106011	0.114809	0.159327	0.126716	0.203199	0.623603	0.5573	0.017012	-0.6813
Q9UPW6	SATB2	23314	DNA-binding protein SATB2	S587	85.69	QVLLHRQQSQPAKES	R	H	0.148888	0.155684	0.144236	0.115039	0.112062	0.096601	0.107901	0.149602	0.721248	0.505528	0.00323	-0.47143
H8Y6P7	GCOM1	145781	GRINL1A combined protein 15	S576	93.49	HPRHRVSSQAEDTSS	R	H	0.190337	0.176902	0.187606	0.138161	0.09868	0.131434	0.122758	0.184948	0.663744	0.203095	0.008437	-0.5913
Q8I2Q1	WDFY3	23001	WD repeat and FYVE domain-containing protein 3	S970	47.74	YRVHKKPSLSLYEPM	K													

Q81WC1	MAP7D3	79649	MAP7 domain-containing protein 3	S185	49.62	TANKRSASTEKLEQG	R	K	0.208418	0.268522	0.28701	0.136881	0.148602	0.161319	0.148934	0.25465	0.584858	0.16256	0.012938	-0.77384
Q81YM9	TRIM22	10346	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM22	S384	50	SLNKRKSSGFADFPD	R	K	0.3248	0.24327	0.193978	0.067355	0.075789	0.064534	0.069286	0.254016	0.272762	0.015445	0.03917	-1.87429
Q15691	MAPRE1	22919	Microtubule-associated protein RP/EB family member 1	T154	94.17	NKPKKPLTSSSSAAPQ	K	K	0.333729	0.258126	0.260559	0.094459	0.089856	0.066622	0.083646	0.284138	0.294384	0.215274	0.00158	-1.76423
Q9Y4H2	IRS2	8660	Insulin receptor substrate 2	S1174	91.64	HNPKRKLNSAVENVS	R	K	0.174921	0.180001	0.206455	0.11555	0.089499	0.12613	0.110393	0.187126	0.58994	0.892948	0.006319	-0.76136
Q6PKG0	LARP1	23367	La-related protein 1	S1056	66.03	EGGKRCCPSQSSSRPA	R	K	0.213126	0.230448	0.207443	0.129167	0.101732	0.121682	0.117527	0.217006	0.541584	0.833104	0.00075	-0.88474
Q9H8G2	CAAP1	79886	Caspase activity and apoptosis inhibitor 1	T90	49.99	ERRKRRKSTGSSSVRG	R	K	0.240792	0.282665	0.269896	0.197801	0.163585	0.169473	0.176953	0.264451	0.669134	0.841648	0.005791	-0.57963
Q13546	RIPK1	8737	Receptor-interacting serine/threonine-protein kinase 1	S320	50	AVVKRQMSQLDLCVA	R	K	0.245522	0.226813	0.197405	0.111866	0.086259	0.130806	0.109644	0.223247	0.491132	0.91863	0.003967	-1.02582
POCG40	SP9	100131390	Transcription factor Sp9	S525	91.43	HPFKRRSSSSCNLGGSR	R	K	0.356067	0.431878	0.280711	0.202205	0.12931	0.135819	0.155778	0.356219	0.43731	0.443369	0.015447	-1.19327
Q9BWH6	RPAP1	26015	RNA polymerase II-associated protein 1	S266	49.47	VAFRLRSRSHSTQEQTG	R	L	0.144008	0.174841	0.165186	0.076219	0.078249	0.07529	0.076586	0.161345	0.474673	0.018247	0.010799	-1.07499
P36915	GNL1	2794	Guanine nucleotide-binding protein-like 1	S34	47.38	QDGLRSSNSRSRSGSR	R	L	0.224898	0.253023	0.179258	0.134524	0.117366	0.09497	0.11562	0.21906	0.5278	0.442227	0.013185	-0.92194
AOA180GTL5	RAB11FIP5	26056	Rab11 family-interacting protein 5	S244	32.95	RNKLRRKSSLTQSNTS	R	L	0.255092	0.281192	0.264223	0.174002	0.15559	0.177616	0.169069	0.266836	0.633609	0.886064	0.006674	-0.65833
Q14738	PPP2R5D	5528	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 56 kDa regulatory	S573	100	KVLLRRKSELQPDVY	R	L	0.237683	0.222536	0.190844	0.128357	0.132225	0.109618	0.1234	0.217021	0.568608	0.40755	0.003758	-0.81449
Q4KMQ2	ANO6	196527	Anoctamin-6	S909	100	DNNLRPKSE	R	L	0.216957	0.187183	0.188675	0.10305	0.121291	0.112888	0.11241	0.197605	0.56886	0.45701	0.001511	-0.81385
Q8WW11	LMO7	4008	LIM domain only protein 7	S1197	97.74	LKNLRRKSSQFGQGS	K	L	0.276331	0.272125	0.246908	0.141083	0.15238	0.152816	0.148759	0.265121	0.5611	0.29748	0.000307	-0.83367
Q92H25	RASSF4	83937	Ras association domain-containing protein 4	S98	45.87	SOPLKEPSPQFNQIT	K	L	0.241253	0.21501	0.21661	0.158773	0.144865	0.107433	0.137024	0.161019	0.469716	0.007601	-0.71095	
Q13370	PDE3B	5140	cGMP-inhibited 3',5'-cyclic phosphodiesterase B	S442	82.1	TPQLRRSSGTGSLLP	R	L	0.276308	0.214409	0.28606	0.166437	0.146616	0.148623	0.153892	0.258926	0.594349	0.146142	0.010763	-0.75062
Q9618	LRCH3	84859	Leucine-rich repeat and calponin homology domain-containi	S352	99.49	EQRLRRSSTGQENRQ	R	L	0.254871	0.203955	0.194637	0.139658	0.078311	0.109118	0.108969	0.217821	0.500268	0.947523	0.013496	-0.99923
P9275	RP56	6136	40S ribosomal protein S6	T241	31.88	LSSLRSTSKSSSESR	R	L	0.173775	0.168682	0.203123	0.107669	0.123129	0.129505	0.120101	0.18186	0.660406	0.534639	0.007898	-0.59858
Q9BVI6	UTP14A	10813	U3 small nucleolar RNA-associated protein 14 homolog A	S434	50	RNSLRKSSSELQSDAE	R	L	0.226511	0.247852	0.2952	0.122006	0.164575	0.126099	0.13756	0.256521	0.536253	0.617124	0.008198	-0.89901
Q96QT4	TRPM7	54822	Transient receptor potential cation channel subfamily M me	S1476	50	ENTLRRKSSLAGLFTD	K	L	0.259977	0.274234	0.214235	0.14573	0.066761	0.11895	0.11048	0.249482	0.442839	0.757167	0.009132	-1.17515
Q9UKL3	CASP8A2	9994	CASP8-associated protein 2	S875	100	AKVLRNESPFPQVPIY	R	L	0.179134	0.162878	0.177325	0.069834	0.093325	0.070185	0.077781	0.173112	0.449311	0.609147	0.000515	-1.15421
Q75592	MYCBP2	23077	E3 ubiquitin-protein ligase MYCBP2	S3426	33.3	MVRLRSTSVVAPVYI	R	L	0.181932	0.220304	0.182338	0.112736	0.077143	0.133752	0.107877	0.194858	0.553618	0.744584	0.014018	-0.85304
Q81YM9	TRIM22	10346	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM22	S383	50	SSLNKRKSSGFADFPD	K	N	0.3248	0.24327	0.193978	0.067355	0.075789	0.064534	0.069286	0.254016	0.272762	0.015445	0.03917	-1.87429
Q9Y6G9	DYNC1L11	51143	Cytoplasmic dynein 1 light intermediate chain 1	S414	33.33	RTPNRSVSSVAVSR	R	N	0.225276	0.235713	0.179203	0.114217	0.082508	0.122009	0.106245	0.213397	0.497872	0.652432	0.007149	-1.06615
Q75113	N4BP1	9683	NEDD4-binding protein 1	T242	98.65	EARNKAGTVPSELTK	K	N	0.217445	0.196353	0.234766	0.146485	0.139933	0.157981	0.148133	0.216188	0.685205	0.368081	0.005208	-0.54539
Q9Y712	PIKFYVE	200576	1-phosphatidylinositol 3-phosphate 5-kinase	S307	99.96	PARNRSTQNLGLD	R	N	0.221089	0.19899	0.175269	0.143732	0.102467	0.132967	0.126389	0.198616	0.636346	0.942951	0.015955	-0.65212
P37802	TAGLN2	8407	Transglutinin-2	S185	94.95	MGNTRNGASQMGTYR	R	N	0.295606	0.217412	0.252337	0.143969	0.092711	0.120786	0.119155	0.255118	0.467058	0.600992	0.007341	-1.09833
Q58A45	PAN3	255967	PAN2-PAN3 deadenylation complex subunit PAN3	S361	49.49	SPAPRRRSHTPNFAS	.AI	R	0.295305	0.280826	0.217181	0.1618	0.168139	0.133919	0.154619	0.264437	0.584711	0.321971	0.013783	-0.77421
Q58A45	PAN3	255967	PAN2-PAN3 deadenylation complex subunit PAN3	T363	49.49	SPAPRRRSHTPNFAS	.AI	R	0.295305	0.280826	0.217181	0.1618	0.168139	0.133919	0.154619	0.264437	0.584711	0.321971	0.013783	-0.77421
Q96PY5	FMNL2	1146793	Formin-like protein 2	S1018	50	QDDPKRSPHSSKQKQ	K	P	0.204528	0.221581	0.247338	0.110158	0.146194	0.109303	0.121885	0.224482	0.542962	0.976738	0.004138	-0.88108
Q07352	ZFP36L1	677	mRNA decay activator protein ZFP36L1	S54	100	GGFPRRHVSSTLCPSSK	R	P	0.281848	0.273619	0.195127	0.098366	0.07359	0.070879	0.080945	0.250198	0.325233	0.182037	0.00429	-1.62806
Q95685	PPP1R3D	5509	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3D	S25	50	KLGRPSLSLCLSDLDG	R	P	0.239278	0.286636	0.227398	0.151626	0.133668	0.137232	0.140842	0.251104	0.560893	0.16856	0.004309	-0.8342
Q9Y6M5	SLC30A1	7779	Zinc transporter 1	S167	44.52	FKGPRVKSSTRGGSD	R	P	0.1743	0.1851	0.165012	0.077948	0.110352	0.125984	0.104761	0.174804	0.599307	0.288228	0.010177	-0.73863
Q8TD55	PLEKHO2	80301	Pleckstrin homology domain-containing family O member 2	S390	50	QFPHRCSSLDGLLGE	R	P	0.185667	0.186115	0.160486	0.107286	0.10649	0.112396	0.108724	0.177423	0.612796	0.009129	0.001372	-0.70652
Q0IRZ9	FCHO2	115548	F-BAR domain only protein 2	S488	100	NEIPLRPPSPPVTSNT	.PI	R	0.185229	0.175848	0.193138	0.121554	0.134371	0.122265	0.126063	0.184738	0.682389	0.818448	0.008835	-0.55133
I3L4C2	BAIAP2	10458	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2	S399	99.47	KTLPRRSHMAAGLER	R	P	0.259799	0.230169	0.226263	0.153413	0.125835	0.126435	0.135228	0.238766	0.566361	0.850345	0.001758	-0.8202
Q53E70	CRTC2	200186	CREB-regulated transcription coactivator 2	S456	99.92	QQLPKQSPPTMSPTL	K	P	0.284837	0.30308	0.229656	0.158109	0.086184	0.193118	0.145804	0.272524	0.535011	0.659249	0.300309	-0.90236
Q9NXD2	MTMR10	54893	Myotubularin-related protein 10	S607	100	ELLPRRNSLCLPKPP	R	P	0.191332	0.220295	0.193842	0.141891	0.127001	0.149486	0.139459	0.201823	0.690998	0.673848	0.005393	-0.53325
Q9H2L5	RASSF4	83937	Ras association domain-containing protein 4	S91	45.87	SWMERRRSPHLLKPPS	R	P	0.241253	0.21501	0.21661	0.158773	0.144865	0.107433	0.137024	0.242921	0.610919	0.469716	0.007601	-0.71095
P19878	NC2F	4688	Neutrophil cytosol factor 2	T233	100	EPFPRRPTPEIFRAL	R	P	0.228855	0.178631	0.161913	0.08051	0.11012	0.097531	0.096054	0.1898	0.50608	0.307838	0.012778	-0.98256
Q92793	CREBBP	1387	CREB-binding protein	S2063	50	VQFPFRISPSALQDL	R	P	0.200681	0.219626	0.193085	0.125487	0.087804	0.12029	0.111194	0.204464	0.543831	0.618766	0.002771	-0.87877
Q99570	PIK3R4	30849	Phosphoinositide 3-kinase regulatory subunit 4	S894	47.94	KGPFPRSESSAGICVP	R	P	0.156227	0.184875	0.15956	0.106462	0.099361	0.117149	0.107658	0.166887	0.645092	0.492455	0.004726	-0.63242
P11177	EPB41	2035	Protein 4.1	S560	84.68	DRSPRPPTSPAPITQQ	R	P	0.156316	0.205425	0.192606	0.103345	0.080929	0.106232	0.096835	0.184783	0.520449	0.456413	0.006281	-0.93223
Q7Z589	EMSY	56946	BRCA2-interacting transcriptional repressor EMSY	S173	99.12	VKSPPRPASPAISVVA	R	P	0.250995	0.217721	0.165791	0.122339	0.129951	0.109183	0.120491	0.211502	0.569691	0.112973	0.023464	-0.81175
Q9UIJ2	RASAL2	9462	Ras GTPase-activating protein nGAP	S16	88.3	ERSPPRRRISGVSTYS	R	P	0.216746	0.243386	0.196313	0.151458	0.126837	0.140745	0.13968	0.218815	0.638346	0.429567	0.006765	-0.64759
Q75592	MYCBP2	23077	E3 ubiquitin-protein ligase MYCBP2	S3478	85.8	TVQKRSYVSGTSESR	R	P	0.216704	0.220839	0.201866	0.142636	0.092471	0.11402	0.116376	0.213136	0.546015	0.217653	0.003346	-0.87299
Q9UIF9	BAZZA	11176	Bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 2A	S1747	90.22	KRQQRKRSGLSNLFS	K	Q	0.228166	0.225343	0.215449	0.150798	0.155822	0.112017	0.139546	0.222986	0.625806	0.144017	0.004374	-0.67621
Q9C011	MTMR12	54545	Myotubularin-related protein 12	S564	93.21	FKHQQLSLPLDQSK	R	Q	0.234002	0.244652	0.194124	0.168072	0.110829	0.135511	0.138137	0.22426	0.61597	0.925093	0.018659	-0.69907
Q9UHB7	AFF4	27125	AF4/FMR2 family member 4	S212	87.96	KEHQRSKSPROPDAN	R	Q	0.183069	0.201065	0.196062	0.10288	0.145138	0.119226	0.122415	0.193399	0.632965	0.319347	0.006132	-0.6598
AOA0U1RR27	DENND4A	10260	C-myc promoter-binding protein	S1195	94.47	KRIQRMMNSFSVFKPF	R	Q	0.306535	0.260425	0.190721	0.100443	0.061101	0.092479	0.084674	0.252561	0.335264	0.225788	0.009327	-1.57663
Q43491	EPB41L2	2037	Band 4.1-like protein 2	T89	33.33	LKQKRSYTLVWAKDG	K	Q	0.247645	0.263422	0.122647	0.166238	0.13184	0.129165						

Q14974	PPP1R12A	4659	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	S507	48.66	TIPRRLASTSDIEEK	R	R	0.233729	0.221557	0.168233	0.104398	0.079595	0.130668	0.104887	0.20784	0.504652	0.699199	0.014515	-0.98664
Q14149	MORC3	23515	MORC family CW-type zinc finger protein 3	S514	100	SVPRRHLSSEGNYSYA	R	R	0.274255	0.2254	0.219941	0.16805	0.150762	0.099147	0.13932	0.239865	0.580824	0.820755	0.020291	-0.78383
Q9NRY4	ARHGAP35	2909	Rho GTPase-activating protein 35	S1072	41.71	DGQRKLSVSSFWPLPQ	K	R	0.226249	0.241273	0.194327	0.147087	0.098982	0.136464	0.127511	0.220617	0.577976	0.947358	0.009811	-0.79092
P62753	RPS6	6194	40S ribosomal protein S6	S236	79.31	AKRRRLSSLRASFTSK	R	R	0.173775	0.168682	0.203123	0.107669	0.123129	0.129505	0.120101	0.18186	0.660406	0.534639	0.007898	-0.59858
Q13546	RIPK1	8737	Receptor-interacting serine/threonine-protein kinase 1	S416	100	EEERRRVSDHDFPAQQ	R	R	0.269754	0.187206	0.222878	0.14794	0.142249	0.112717	0.134302	0.226613	0.592649	0.345177	0.024607	-0.75475
Q9H8G2	CAAP1	79886	Caspase activity and apoptosis inhibitor 1	S89	49.99	SERRRRSSIDSSSSVS	K	R	0.240792	0.282665	0.269896	0.197801	0.163585	0.169473	0.176953	0.264451	0.669134	0.841648	0.005791	-0.57963
Q9UIF2	RASAL2	9462	Ras GTPase-activating protein nGAP	S18	37.68	SPRRRSISGTSIEFK	R	R	0.220401	0.25019	0.265719	0.125718	0.129523	0.151959	0.135733	0.245437	0.553028	0.549799	0.02162	-0.85458
AOA096LPCS	WASHC2C	253725	WASH complex subunit 2C	S478	94.33	SKTRKRVQSTADIEGD	K	R	0.198902	0.222969	0.221624	0.129463	0.136937	0.138133	0.134844	0.214498	0.628649	0.215544	0.000648	-0.66967
Q8IWS2	SLITRK4	139065	SLIT and NTRK-like protein 4	S741	92.41	VDTRKRLSTIDELDE	K	R	0.223515	0.296092	0.240019	0.168566	0.117484	0.153312	0.146454	0.253209	0.578393	0.644161	0.016106	-0.78988
O60493	SNX3	8724	Sorting nexin-3	S72	99.75	STVRRRYSDFEWLRS	R	R	0.230664	0.22501	0.201001	0.142477	0.145121	0.148739	0.145446	0.218891	0.664465	0.076622	0.001375	-0.58974
J3KQ70	INO80B-WBI	100532735	HCG2039827, isoform CRA_e	T10	45.65	KLWRRGTSFGAMEAP	R	R	0.193997	0.203499	0.190894	0.120533	0.099393	0.107757	0.109228	0.19613	0.556916	0.551307	0.000273	-0.84447
Q5J8M3	EMC4	51234	ER membrane protein complex subunit 4	S32	99.49	GGGSRGRSDRGSGQG	R	S	0.216867	0.186843	0.280095	0.103913	0.155591	0.147196	0.135567	0.227935	0.59476	0.506811	0.043938	-0.74962
Q9GZY6	LAT2	7462	Linker for activation of T-cells family member 2	S106	100	SKGSRHSEEAAYIDP	R	S	0.21097	0.204335	0.210385	0.117343	0.107612	0.13705	0.120668	0.208563	0.578569	0.113201	0.000594	-0.78944
Q93073	SECISBP2L	9728	Selenocysteine insertion sequence-binding protein 2-like	S851	91.69	MGHSRNPSSAASAI5F	R	S	0.24504	0.236214	0.198936	0.138115	0.156286	0.149097	0.147832	0.22673	0.562019	0.245375	0.006381	-0.61701
Q8N1G0	ZNF687	57592	Zinc finger protein 687	S495	93.18	TVISRTQSSLVEAFN	R	S	0.242127	0.276941	0.185281	0.115947	0.146368	0.157156	0.139824	0.234783	0.595245	0.35162	0.032062	-0.74772
P38398	BRCA1	672	Breast cancer type 1 susceptibility protein	S1191	44.96	GELSRSPSPFPTHSL	R	S	0.313217	0.274203	0.320961	0.214063	0.209797	0.223055	0.215638	0.302793	0.712163	0.135951	0.004353	-0.48972
Q12802	AKAP13	11214	A-kinase anchor protein 13	S1906	93.63	VLSLKSIVSQINITGV	K	S	0.295244	0.269354	0.178834	0.130413	0.095334	0.113667	0.113138	0.247811	0.45655	0.152264	0.021426	-1.13116
Q9HC35	EML4	27436	Echinoderm microtubule-associated protein-like 4	S200	96.44	NKLSKIPSPFKLIPK	K	S	0.151971	0.25391	0.249095	0.110773	0.07557	0.13879	0.108377	0.218325	0.496404	0.465503	0.044107	-1.01041
Q9P013	CWC15	51503	Spliceosome-associated protein CWC15 homolog	S31	33.33	SQLSKQYSRDLPSH	K	S	0.342174	0.363986	0.17142	0.125364	0.062446	0.065897	0.084569	0.292527	0.289098	0.202282	0.031719	-1.79037
O75420	GIGYF1	64599	GRB10-interacting GYF protein 1	S638	99.91	PTMSRSLVSPDSGRLL	R	S	0.246249	0.27595	0.278388	0.132308	0.135068	0.150899	0.139425	0.266862	0.522459	0.478349	0.000423	-0.93661
Q86YV5	PRAG1	157285	Inactive tyrosine-protein kinase PRAG1	S696	50	TGMSKASAFEFPPK	K	S	0.267225	0.261518	0.203607	0.16946	0.106703	0.167204	0.147789	0.244116	0.605403	0.988682	0.290932	-0.72403
O75427	LRCH4	4034	Leucine-rich repeat and calponin homology domain-containi	S279	87.41	LAPSRPFPSFPCPAE	R	S	0.374494	0.446008	0.393136	0.168889	0.144068	0.153984	0.155647	0.404546	0.384745	0.20374	0.000386	-1.37802
M0QZ13	FCHO1	23149	F-BAR domain only protein 1	S577	99.97	RLRSRVSQPISTRSN	R	S	0.150103	0.189877	0.172564	0.111072	0.061725	0.115166	0.095988	0.170848	0.561829	0.602064	0.02234	-0.8318
P42345	MTOR	2475	Serine/threonine-protein kinase mTOR	T2446	33.32	NKRSRTRTDSYSAGV	R	S	0.237796	0.188268	0.227076	0.160424	0.12466	0.115237	0.13344	0.217713	0.612918	0.91123	0.014458	-0.70623
Q15910	EZH2	2146	Histone-lysine N-methyltransferase EZH2	T367	78.41	NNSRSPSTPIINLLE	R	S	0.350476	0.291905	0.27765	0.128822	0.191605	0.169664	0.163355	0.306677	0.532663	0.810554	0.007705	-0.9087
Q16204	CCDC6	8030	Coiled-coil domain-containing protein 6	S367	97.39	PSSSRPSTPGLSYA	R	S	0.248602	0.247118	0.287195	0.125747	0.073156	0.119001	0.105968	0.260972	0.406052	0.773399	0.001827	-1.30026
AOA087WTT2	TMEM230	29058	Transmembrane protein 230	S24	32.81	VKYSLRSLSDDDGYID	R	S	0.178482	0.244887	0.179319	0.11008	0.098079	0.142562	0.116907	0.581926	0.534659	0.03084	-0.78109	
Q99459	CDC5L	988	Cell division cycle 5-like protein	S293	100	SEPTKKRSKLVLPAP	K	T	0.353733	0.302641	0.376271	0.213456	0.164471	0.169142	0.182356	0.344215	0.529774	0.678563	0.003788	-0.91655
Q96BH1	RNF25	64320	E3 ubiquitin-protein ligase RNF25	S450	100	RPGRTRRSLEGLSEKD	R	T	0.313976	0.24776	0.280407	0.13546	0.126691	0.133396	0.131849	0.280715	0.469691	0.037626	0.014719	-1.09021
Q12968	NFATC3	4775	Nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic 3	S344	96.48	PLKTRKTSDEQAAIL	R	T	0.220739	0.204371	0.211891	0.108567	0.12431	0.120574	0.117817	0.212334	0.554869	0.99606	0.000147	-0.84978
E9PFN4	SLC4A7	9497	Anion exchange protein	S19	50	PLLTRVTSRSGPDEEA	R	T	0.184801	0.195716	0.158877	0.118838	0.082693	0.120251	0.107261	0.179798	0.596563	0.882736	0.111591	-0.74525
J3KQR7	CEP170B	283638	Centrosomal protein of 170 kDa protein B	S1115	49.74	QALTRNSLSLTPRPT	R	T	0.229577	0.197091	0.224622	0.152669	0.10846	0.117421	0.126183	0.217096	0.581231	0.718616	0.005718	-0.78282
O15014	ZNF609	23060	Zinc finger protein 609	S1055	92.67	PLTKAPSLTDLVKS	K	T	0.245623	0.245678	0.230924	0.153156	0.150056	0.194792	0.166002	0.240741	0.689543	0.207627	0.080011	-0.53629
Q9NRA8	EIF4ENIF1	56478	Eukaryotic translation initiation factor 4E transporter	S577	50	VFQTRAAADYLRPR	R	T	0.177434	0.222815	0.188038	0.111389	0.060311	0.121247	0.097649	0.196096	0.497965	0.690007	0.013488	-1.00588
G3V4K3	VIPAS39	63894	Spermatogenesis-defective protein 39 homolog	S147	99.97	RGTRRPGSFQSLSDA	R	T	0.227351	0.309296	0.224519	0.13875	0.096639	0.13612	0.123836	0.253722	0.488079	0.387154	0.013742	-1.03481
P42345	MTOR	2475	Serine/threonine-protein kinase mTOR	S2448	33.32	RSRTRDYSYAGQSV	R	T	0.237796	0.188268	0.227076	0.160424	0.12466	0.115237	0.13344	0.217713	0.612918	0.91123	0.014458	-0.70623
Q724V5	HDGFL2	84717	Hepatitis-derived growth factor-related protein 2	S454	99.96	VERTTKRSEGFSDMR	R	T	0.196439	0.212276	0.190168	0.112001	0.10586	0.112465	0.110109	0.199628	0.551571	0.189527	0.000205	-0.85838
Q92608	DOCK2	1794	Dedicator of cytokinesis protein 2	S1706	97.33	KKRTRKRSVFAVDEK	K	T	0.237292	0.197196	0.216908	0.137466	0.100733	0.136965	0.125055	0.217132	0.575939	0.950609	0.005384	-0.79601
P23284	PIIB	5479	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B	S189	89.25	VESTKTDSDRDKPLDK	K	T	0.140664	0.160231	0.19266	0.063756	0.103032	0.110587	0.092458	0.164518	0.561995	0.956473	0.026464	-0.83137
P34910	EVI2B	2124	Protein EVI2B	S268	93.03	EISTKRTSISLTPW	K	T	0.325091	0.303469	0.243455	0.208216	0.170269	0.126448	0.168311	0.290672	0.579042	0.966917	0.022733	-0.78826
Q14669	TRIP12	9320	E3 ubiquitin-protein ligase TRIP12	S310	50	RKSTKRSSEPPAEL	K	T	0.222179	0.203481	0.189168	0.161773	0.119844	0.132551	0.138056	0.204943	0.673632	0.744385	0.012955	-0.56997
Q3V6T2	CCDC88A	55704	Girdin	S1820	50	EGTTRRTSISLDFLTK	R	T	0.26354	0.226231	0.212278	0.154843	0.137611	0.152218	0.148224	0.234016	0.633391	0.218607	0.006122	-0.65883
Q725L9	IRF2BP2	359948	Interferon regulatory factor 2-binding protein 2	S455	99.99	HSTRNRNNSPPSPS	R	T	0.181178	0.175487	0.17125	0.121184	0.141339	0.131949	0.13149	0.175971	0.747226	0.392311	0.002378	-0.42038
Q15345	LRRRC41	10489	Leucine-rich repeat-containing protein 41	T327	50	TRVTRRSTQESLTAG	R	T	0.310879	0.23517	0.211102	0.094006	0.091273	0.075307	0.086862	0.252384	0.344166	0.072519	0.005672	-1.53882
Q6ZUI8	PIK3AP1	118788	Phosphoinositide 3-kinase adaptor protein 1	S759	44.44	PEVTRRSRSPGPPQV	R	T	0.209895	0.203191	0.246319	0.099676	0.166693	0.12618	0.13085	0.219802	0.595308	0.640205	0.019752	-0.74829
AOA0G2JINT7	KANS11	284058	KAT8 regulatory NSL complex subunit 1	S827	77.59	SLVLRQLSTSSDSFDA	R	V	0.234911	0.222625	0.174126	0.145943	0.08133	0.104025	0.110432	0.210554	0.524488	0.980295	0.019478	-0.93103
P49757	NUMB	8650	Protein numb homolog	T561	94.9	PSLVRRQTFPPHYEAS	R	V	0.304983	0.										

6. E3 ligases which phosphorylation were downregulated at DAPK3 consensus site (R/K-X-X-S/T) in shDAPK3#1 cells and/or shTBK1#1 cells

*; P<0.05, log2FC<-0.4 for shDAPK3#1, \$; P<0.1, log2FC<-0.4 for shDAPK3#1, #; P<0.05, log2FC<-0.4 for shTBK1#1

Gene(Phosphosite)	shControl-	shControl-	shControl-	shDAPK3#	shDAPK3#	shDAPK3#	shTBK1#1-	shTBK1#1-	shTBK1#1-	FC (shDAP	F test(shD	P value (sh	LogFC (shL	Significanc	FC (shTBK	F test(shTI	P value(sh	LogFC (shT	Significance_	shTBK1
MLLT6(S423)	0.182993	0.143944	0.149547	0.107521	0.129917	0.123437	0.113661	0.159767	0.157502	0.75737	0.459083	0.050086	-0.40093	\$	0.904392	0.79518	0.476104	-0.14498		
MYCBP2(S3426)	0.181932	0.220304	0.182338	0.112736	0.077143	0.133752	0.107877	0.194858	0.553618	0.553618	0.744584	0.014018	-0.85304	*	1.464919	0.017249	0.575432	0.550821		
PHF2(S899)	0.152925	0.18097	0.17037	0.108983	0.11283	0.093181	0.238632	0.240515	0.179114	0.62466	0.701936	0.003408	-0.67886	*	1.305387	0.282456	0.077705	0.384478		
PML(T513)	0.222521	0.11338	0.154541	0.10687	0.095646	0.067673	0.175976	0.106854	0.22012	0.550909	0.236536	0.096194	-0.86011	\$	1.025504	0.964838	0.931863	0.036334		
TRIP12(S312)	0.222179	0.203481	0.189168	0.161773	0.119844	0.132551	0.120744	0.173185	0.185829	0.673632	0.744385	0.012955	-0.56997	*	0.780314	0.374107	0.111274	-0.35787		
AFF4(S212)	0.183069	0.201065	0.196062	0.10288	0.145138	0.119226	0.12474	0.132321	0.092243	0.632965	0.319347	0.006132	-0.6598	*	0.602044	0.319802	0.004568	-0.73206	#	
BAZ2A(S1747)	0.228166	0.225343	0.215449	0.150798	0.155822	0.112017	0.127893	0.11546	0.127934	0.625806	0.144017	0.004374	-0.67621	*	0.555024	0.926209	6.24E-05	-0.84938	#	
BRCA1(S1191)	0.313217	0.274203	0.320961	0.214063	0.209797	0.223055	0.192038	0.172467	0.137648	0.712163	0.135951	0.004353	-0.48972	*	0.5528	0.905621	0.003249	-0.85517	#	
IRF2BP2(S455)	0.181178	0.175487	0.17125	0.121184	0.141339	0.131949	0.122054	0.115282	0.111753	0.747226	0.392311	0.002378	-0.42038	*	0.661261	0.950503	0.000139	-0.59671	#	
LMO7(S751)	0.172075	0.199173	0.188319	0.192738	0.122214	0.106616	0.120438	0.120707	0.158765	0.753383	0.162317	0.171378	-0.40855	*	0.714678	0.553348	0.023687	-0.48463	#	
LMO7(S1197)	0.276331	0.272125	0.246908	0.141083	0.15238	0.152816	0.101941	0.121658	0.116054	0.5611	0.29748	0.000307	-0.83367	*	0.427041	0.579189	0.000154	-1.22755	#	
MYCBP2(S3478)	0.256976	0.227479	0.21346	0.11993	0.081147	0.099979	0.114255	0.079642	0.142648	0.431365	0.865173	0.001479	-1.21302	*	0.482216	0.662672	0.005667	-1.05225	#	
NSD1(S2471)	0.181393	0.191867	0.244619	0.154267	0.103864	0.159157	0.146661	0.172147	0.152545	0.675356	0.898617	0.064245	-0.56628	\$	0.762856	0.268481	0.080885	-0.39052		
PHF3(S1758)	0.214591	0.215017	0.221775	0.13198	0.115355	0.14327	0.049485	0.064236	0.051253	0.599655	0.152216	0.0005	-0.73779	*	0.253269	0.400473	6.31E-06	-1.98126	#	
RNF169(S693)	0.169911	0.259812	0.242484	0.127431	0.104719	0.178647	0.030565	0.091298	0.065725	0.611117	0.773306	0.068342	-0.71048	\$	0.279063	0.580268	0.007803	-1.84134	#	
RNF25(S450)	0.313976	0.24776	0.280407	0.13546	0.126691	0.133396	0.063781	0.077292	0.080035	0.469691	0.037626	0.014719	-1.09021	*	0.262554	0.129197	0.00047	-1.92931	#	
RNF31(S466)	0.150392	0.203062	0.182159	0.130388	0.105232	0.146552	0.096325	0.133365	0.136481	0.713524	0.762696	0.058351	-0.48697	\$	0.683649	0.830041	0.047769	-0.54867	#	
SMARCD1(S79)	0.260745	0.264909	0.266736	0.135428	0.107347	0.13221	0.090212	0.097302	0.104365	0.473233	0.07676	0.000104	-1.07938	*	0.368352	0.316845	3.03E-06	-1.44084	#	
TRIM22(S384)	0.3248	0.24327	0.193978	0.067535	0.075789	0.064534	0.036315	0.048197	0.048029	0.272762	0.015445	0.03917	-1.87429	*	0.173927	0.021036	0.03037	-2.52345	#	
TRIM56(T442)	0.190971	0.247054	0.233069	0.156167	0.125692	0.206453	0.119801	0.140708	0.070493	0.727635	0.677554	0.103177	-0.45871		0.493229	0.792021	0.013341	-1.01967	#	
WDR26(S121)	0.17495	0.205522	0.177151	0.11763	0.102752	0.132777	0.122173	0.125053	0.142013	0.633327	0.873387	0.006533	-0.65898	*	0.698031	0.566596	0.008481	-0.51864	#	
WDR62(T50)	0.200674	0.238509	0.223636	0.138052	0.138294	0.216442	0.128251	0.160589	0.103041	0.743473	0.302089	0.115906	-0.42765		0.591233	0.607803	0.010625	-0.7582	#	

Supplementary Table. 3 TCGA Studies used for gene alteration analysis, related to Extended Data Fig. 8

Cancer Type	TCGA study
Cervical Squamous Cell Carcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Colorectal Adenocarcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Esophageal Adenocarcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Lung Adenocarcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Lung Squamous Cell Carcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Ovarian Serous Cystadenocarcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Pancreatic Adenocarcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Sarcoma	TCGA, PanCancer Atlas
Skin Cutaneous Melanoma	TCGA, PanCancer Atlas
Stomach Adenocarcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Uterine Corpus Endometrial Carcinoma	TCGA, PanCancer Atlas
Uterine Carcinosarcoma	TCGA, PanCancer Atlas

Supplementary Table. 4 List of antibodies used in the study

Antibodies for immunoblotting and immunoprecipitation

Primary antibodies	Supplier	Catalog No.	Host species	Type	Species reactivity	Applications
anti-DAPK1	Cell Signaling Technology	3008S	rabbit	polyclonal	Hu, Mo	IB
anti-DAPK3	Abcam	ab210528	rabbit	polyclonal	Hu	IB
anti-DAPK3	Life Span Biosciences	LS-C373328	rabbit	polyclonal	Mo	IB
anti-LMO7	Sigma-Aldrich	HPA020923	rabbit	polyclonal	Hu	IB
anti-TRIP12	Bethyl Laboratories	A301-814A	rabbit	polyclonal	Hu	IB
anti-IRF3	Cell Signaling Technology	4302S	rabbit	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti-TBK1	Cell Signaling Technology	3504S	rabbit	monoclonal	Hu, Mo	IP, IB
anti-TBK1	Cell Signaling Technology	3013S	rabbit	polyclonal	Hu, Mo	IB
anti-STING	ABGENT	AP9047b	rabbit	polyclonal	Hu, Mo	IB
anti-STING	Cell Signaling Technology	13647S	rabbit	monoclonal	Hu	IP, IB
anti-phospho IRF3 (Ser396)	Cell Signaling Technology	4947S	rabbit	polyclonal	Hu, Mo	IB
anti-phospho TBK1 (Ser172)	Cell Signaling Technology	5483S	rabbit	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti-phospho STING (Ser366)	Cell Signaling Technology	85735S	rabbit	polyclonal	Hu	IB
anti-phospho STING (Ser366)	Cell Signaling Technology	19781S	rabbit	monoclonal	Hu	IB
anti-phospho p65 (Ser536)	Cell Signaling Technology	3033S	rabbit	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti-p65	Santa Cruz Biotechnology	sc-372	rabbit	polyclonal	Hu, Mo	IB
anti-phospho STAT1 (Tyr701)	Cell Signaling Technology	9167S	rabbit	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti-STAT1	Cell Signaling Technology	9175S	rabbit	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti-gH2A.X (Ser139)	EMD Millipore	05-636	mouse	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti-cGAS	ABGENT	AP10510c	rabbit	polyclonal	Hu	IB
anti-cGAS	Cell Signaling Technology	31659S	rabbit	monoclonal	Mo	IB
anti-MAVS	Abcam	ab31334	rabbit	polyclonal	Hu, Mo	IB
anti-DDX58	Abcam	ab45428	rabbit	polyclonal	Hu, Mo	IB
anti-STIM1	Cell Signaling Technology	5668S	rabbit	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti- β -actin	R&D	MAB8929	mouse	monoclonal	Hu, Mo	IB
anti-HA	Abcam	ab16918	mouse	monoclonal		IP
anti-HA	Sigma-Aldrich	11867423001	rat	monoclonal		IB
anti-HA	Cell Signaling Technology	3724S	rabbit	monoclonal		IB
anti-Flag	Sigma-Aldrich	F1804	mouse	monoclonal		IP
anti-Flag	Sigma-Aldrich	F7425	rabbit	serum		IB
anti-V5	Invitrogen	R960-25	mouse	monoclonal		IP, IB
anti-V5	Sigma-Aldrich	V8137	rabbit	serum		IB
anti-GST	Santa Cruz Biotechnology	sc-459	rabbit	polyclonal		IB

Secondary antibodies	Supplier	Catalog No.	Host species	Type	Species reactivity	Applications
Peroxidase-conjugated anti-rabbit IgG	Sigma-Aldrich	A0545	Goat	polyclonal		IB
Peroxidase-conjugated anti-mouse IgG	Sigma-Aldrich	A3682	Goat	polyclonal		IB
Peroxidase-conjugated anti-rat IgG	Sigma-Aldrich	A5795	Rabbit	polyclonal		IB
Clean Blot IP Detection Reagent	Thermo Fisher Scientific	PI21230				IB

Supplementary Table. 4 List of antibodies used in the study**Antibodies for immunostaining and confocal microscopy**

Primary antibodies	Supplier	Catalog No.	Host species
anti-IRF3	Santa Cruz Biotechnology	sc-9082	rabbit
anti-p65	Santa Cruz Biotechnology	sc-372	rabbit
anti-phospho TBK1 (Ser172)	Cell Signaling Technology	5483S	rabbit
anti-TBK1	Abcam	ab40676	rabbit
anti-STING	R&D	AF6516	sheep
anti-Calreticulin	Abcam	ab2907	rabbit
anti-GM130	Cell Signaling Technology	12480S	rabbit
anti-gH2A.X (Ser139)	EMD Millipore	05-636	mouse

Secondary antibodies	Supplier	Catalog No.	Host species
AF568 donkey anti-sheep IgG	Invitrogen	A21099	donkey
AF647 goat anti-rabbit IgG	Jackson ImmunoResearch	111-605-104	goat
AF568 donkey anti-mouse IgG	Invitrogen	A10037	donkey

Antibodies for flowcytometric analysis

Primary antibodies	Clone	Supplier	Catalog No.
Purified Rat Anti-Mouse CD16/CD32	2.4G2	BD pharmingen	553141
APC-Cy7 anti-mouse CD45	30-F11	Biolegend	103116
PerCP-Cy5.5 anti-mouse NK1.1	PK136	Thermo Fisher Scientific	45-5941-82
FITC anti-mouse TCR beta	H57-597	Thermo Fisher Scientific	11-5961-81
BV421 anti-mouse CD8a	53-6.7	Biolegend	100737
BV605 anti-mouse CD4	RM4-5	Biolegend	100547
BV421 anti-mouse CD4	RM4-5	Biolegend	100543
BV650 anti-mouse CD25	PC6.1	Biolegend	102038
APC anti-mouse/rat Foxp3	FJK-16s	Thermo Fisher Scientific	17-5773-82
PE/Dazzle594 anti-mouse Ly6G	1A8	Biolegend	127647
BV570 anti-mouse Ly6C	HK1.4	Biolegend	128029
AF700 anti-Gr-1(Ly6G/Ly6C)	RB6-8C5	Thermo Fisher Scientific	56-5931-80
PE anti-mouse/human CD11b	M1/70	Biolegend	101207
FITC anti-mouse F4/80	N418	Biolegend	117305
BV421 anti-mouse I-A/I-E (MHC-II)	M5/114.15.2	Biolegend	107631
BV605 anti-mouse CD206	C068C2	Biolegend	141721
APC anti-mouse CD11c	N418	Thermo Fisher Scientific	17-0114-81
FITC anti-mouse CD103	2E7	Biolegend	121419
BV605 anti-mouse/human CD11b	M1/70	Biolegend	101237
BV421 anti-mouse CD11c	N418	Biolegend	117329
PE conjugated clgG	DA1E	Cell Signaling Technology	5742S
PE conjugated anti-phospho TBK1(Ser172)	D52C2	Cell Signaling Technology	13498S
AF647 conjugated clgG	DA1E	Cell Signaling Technology	2985S
AF647 conjugated anti-phospho IRF3(Ser396)	D601M	Cell Signaling Technology	10327S

Supplementary Table. 5 Sequences and catalog numbers of siRNA, shRNA, and plasmids used in the study

Human siRNA	Sequence	Dharmacon Catalog No.
<i>DAPK1</i> #1	GAAGAAAUGCCGUGAGAAA	D-004417-02
<i>DAPK1</i> #2	GAACAGGUUUGGAAAUGAU	D-004417-04
<i>DAPK1</i> #3	GAUCAAGCCUAAAGAUACA	D-004417-07
<i>DAPK1</i> #4	GGAAACAAUCCGUUCGCUU	D-004417-21
<i>DAPK3</i> #1	GAACAUUCCUGGAUUAAGG	D-004947-01
<i>DAPK3</i> #2	CCACGCGUCUGAAGGAGUA	D-004947-02
<i>DAPK3</i> #3	GAGCCAGGCCCGUAAGUUC	D-004947-03
<i>DAPK3</i> #4	GAGGAGUACUUCAGCAACA	D-004947-04
<i>STING1</i> #1	GCACCUGUGUCCUGGAGUA	D-024333-01
<i>STING1</i> #2	GGUCAUUAUACAUCGGAUA	D-024333-02
<i>STING1</i> #3	GCAUCAAGGAUCGGGUUUA	D-024333-03
<i>STING1</i> #4	ACAUUCGCUUCCUGGAUAA	D-024333-04
<i>LMO7</i> #1	CUACUGAACUGGAUGAUUA	D-019252-01
<i>LMO7</i> #2	GAGUAUAAUGGAGAUGUU	D-019252-02
<i>LMO7</i> #3	UAGCAGGAUUGGAUAAUAU	D-019252-03
<i>LMO7</i> #4	GGACUAUUCUCAUUAAGGC	D-019252-04
<i>TRIP12</i> #1	GAACUGACAUCUCUGAUUU	D-007182-01
<i>TRIP12</i> #2	CCAAAGAUUCGUUACAAA	D-007182-02
<i>TRIP12</i> #3	CAAAUAAGCCACAUAGUAA	D-007182-04
<i>TRIP12</i> #4	GAACACAGAUGGUGCGAUA	D-007182-18

Mouse siRNA	Sequence	Dharmacon Catalog No.
<i>Dapk1</i> #1	GGAUACACCUCAAGAAAU	D-040260-01
<i>Dapk1</i> #2	GAAUCAAGCUAAACUGUU	D-040260-02
<i>Dapk1</i> #3	AAACGAGGCUCAAGGAUUG	D-040260-03
<i>Dapk1</i> #4	GAAGGAAUCUCUGACUGAA	D-040260-04
<i>Dapk3</i> #1	UCUCAGCAGUGAACUAUGA	D-044800-01
<i>Dapk3</i> #2	CCACGCAGUUCUCAACA	D-044800-02
<i>Dapk3</i> #3	GGGAGGAGAUCGAACGCGA	D-044800-03
<i>Dapk3</i> #4	CCGAGAUUGUAACUAUGA	D-044800-04
<i>Cgas</i> #1	GGAUUGAGCUACAAGAAUA	D-055608-01
<i>Cgas</i> #2	AGAAUUCUCUGUGGAUUA	D-055608-02
<i>Cgas</i> #3	GAAGAUCCGCGUAGAAGGA	D-055608-03
<i>Cgas</i> #4	GCUAAGAAGCCGUCCGCGA	D-055608-04
<i>Sting1</i> #1	CGAAAUACUGCCGCCUCA	D-055528-01
<i>Sting1</i> #2	CAAUACACUCUGAAGUA	D-055528-02
<i>Sting1</i> #3	AACAUUCGAUUCGAGUA	D-055528-03
<i>Sting1</i> #4	GCAUCAAGAAUCGGGUUUA	D-055528-04

Supplementary Table. 5 Sequences and catalog numbers of siRNA, shRNA, and plasmids used in the study

Human shRNA	Sequence	Clone ID
<i>DAPK3</i> #1	CCGGCGTTCACTACCTGCACTCTAACTCGAGTTAGAGTGCAGGTAGTGAACGTTTTT	TRCN000009945
<i>DAPK3</i> #2	CCGGGCACGACATCTTCGAGAACAACCTCGAGTTGTTCTCGAAGATGTCGTGCTTTTTTG	TRCN0000199874
<i>STING1</i> #1	CCGGGTTTACAGCAACAGCATCTATCTCGAGATAGATGCTGTTGCTGTAAACTTTTTTG	TRCN0000134594
<i>STING1</i> #2	CCGGGCAGAGCTATTTCCCTCCCACTCGAGTGTGGAAGGAAATAGCTCTGCTTTTTTG	TRCN0000163029
<i>TBK1</i> #1	CCGGGCAGAACGTAGATTAGCTTATCTCGAGATAAGCTAATCTACGTTCTGCTTTTTG	TRCN0000314787
<i>TBK1</i> #2	CCGGGCGGCAGAGTTAGGTGAAATTCTCGAGAATTTCACTAACTCTGCCGCTTTTTG	TRCN0000314840
<i>LMO7</i> #1	CCGGGCCTCTTTAGATTACATAGAACCTCGAGTTCTATGTAATCTAAAGAGGCTTTTT	TRCN0000006489
<i>LMO7</i> #2	CCGGGCGTCATTAAGAAGATCAATACTCGAGTATTGATCTTCTTAATGACGCTTTTT	TRCN0000006491
<i>TRIP12</i> #1	CCGGGTATCTAAGACTGGTTATATTCTCGAGAATATAACCAGTCTTAGATACTTTTTG	TRCN0000273207
<i>TRIP12</i> #2	CCGGTATCAGTCGATACTGGTATTACTCGAGTAATACCAGTATCGACTGATATTTTTG	TRCN0000273136

Mouse shRNA	Sequence	Clone ID
<i>Dapk3</i> #1	CCGGGCAGTGAACATGACTTTGATCTCGAGATCAAAGTCATAGTTCACTGCTTTTT	TRCN0000024246
<i>Dapk3</i> #2	CCGGGCATGACGTGTTTCGAGAACAACCTCGAGTTGTTCTCGAACACGTCATGCTTTTT	TRCN0000024248
<i>Dapk3</i> #3	CCGGCCCAACATCATAACACTGCATCTCGAGATGCAGTGTATGATGTTGGGTTTTT	TRCN0000024244
<i>Dapk3</i> #4	CCGGCGCATTAAAGCTCATCGACTTTCTCGAGAAAGTCGATGAGCTTAATGCGTTTTT	TRCN0000024245
<i>Sting1</i> #1	CCGGATGATTCTACTATCGTCTTATCTCGAGATAAGACGATAGTAGAATCATTTTTTG	TRCN0000346320
<i>Sting1</i> #2	CCGGCAACATTGATTCCGAGATATCTCGAGATATCTCGGAATCGAATGTTGTTTTTG	TRCN0000346266
<i>Tbk1</i> #1	CCGGGCTGGCCGAGAACAATCATATCTCGAGATATGATTGTTCTCGCCAGCTTTTT	TRCN0000026954
<i>Tbk1</i> #2	CCGGCCAGAATCAGAATTTCTATTCTCGAGAATGAGAAATTCTGATTCTGGTTTTT	TRCN0000027015

Supplementary Table. 5 Sequences and catalog numbers of siRNA, shRNA, and plasmids used in the study**Human ORF clones**

Gene name	Supplier	Catalog No.	NCBI Accession No.	Definition
<i>LMO7</i>	Genscript	OHu08783	NM_005358.5	Homo sapiens LIM domain 7 (LMO7), transcript variant 1, mRNA
<i>MLLT6</i>	Genscript	OHu05249	NM_005937.4	Homo sapiens MLLT6, PHD finger containing (MLLT6), mRNA.
<i>RNF31</i>	Genscript	OHu25779	NM_017999.5	Homo sapiens ring finger protein 31 (RNF31), transcript variant 1, mRNA.
<i>TRIM22</i>	Genscript	OHu15306	NM_006074.5	Homo sapiens tripartite motif containing 22 (TRIM22), transcript variant 1, mRNA.
<i>TRIM56</i>	Genscript	OHu72997	XM_011516589.3	Homo sapiens tripartite motif containing 56 (TRIM56), transcript variant X1, mRNA.
<i>TRIP12</i>	Genscript	OHu08708	NM_004238.3	Homo sapiens thyroid hormone receptor interactor 12 (TRIP12), transcript variant 3, mRNA.
<i>WDR26</i>	Genscript	OHu01176	NM_025160.6	Homo sapiens WD repeat domain 26 (WDR26), transcript variant 1, mRNA.

Other plasmids

Name	Supplier	Catalog No.
pDONR223-DAPK3	Addgene	23436
pLX304	Addgene	25890
psPAX2	Addgene	12260
pMD.2G	Addgene	12259
pLenti-CMV-Puro-LUC	Addgene	17477
pEF-BOS huTBK1 FlagHis	Addgene	27241
pEF-BOS huTBK1 K38M FlagHis	Addgene	27240

Supplementary Table. 6 Sequences of qRT-PCR primers and cloning primers used in the study

Primers for SYBR green

Gene	Forward primer	Reverse primer
Human <i>IFNB1</i>	GCTTGGATTCTACAAAGAAGCA	ATAGATGGTCAATGCGGCGTC
Human <i>CXCL10</i>	GTGGCATTCAAGGAGTACCTC	TGATGGCCTTCGATTCTGGATT
Human <i>CCL5</i>	CCAGCAGTCGTCTTTGTAC	CTCTGGGTTGGCACACTT
Human <i>ACTB</i>	TGAAGTGTGACGTGGACATC	GGAGGAGCAATGATCTTGAT
Mouse <i>Ifnb1</i>	AGTCCAAGAAAGGACGAACA	GCCCTGTAGGTGAGGTTGAT
Mouse <i>Actb</i>	TCATCACTATTGGCAACGAGCGGT	TGCCACAGGATTCCATACCCAAGA

Taqman probes

Gene	Supplier	Catalog No.
Human <i>DAPK1</i>	Applied Biosystems	Hs00234489_m1
Human <i>DAPK2</i>	Applied Biosystems	Hs00204888_m1
Human <i>DAPK3</i>	Applied Biosystems	Hs00154676_m1
Human <i>IFNB1</i>	Applied Biosystems	Hs01077958_s1
Human <i>IL6</i>	Applied Biosystems	Hs00985639_m1
Human <i>ACTB</i>	Applied Biosystems	Hs01060665_g1
Mouse <i>Ifnb1</i>	Applied Biosystems	Mm00439552_s1
Mouse <i>Cxcl10</i>	Applied Biosystems	Mm00445235_g1
Mouse <i>Mx2</i>	Applied Biosystems	Mm00488995_m1
Mouse <i>Il6</i>	Applied Biosystems	Mm00446190_m1
Mouse <i>Dapk1</i>	Applied Biosystems	Mm00459400_m1
Mouse <i>Dapk2</i>	Applied Biosystems	Mm00802402_m1
Mouse <i>Dapk3</i>	Applied Biosystems	Mm01172884_m1
Mouse <i>Actb</i>	Applied Biosystems	Mm02619580_g1
Mouse <i>Rn18s</i>	Applied Biosystems	Mm03928990_g1

For pGEX-4T-2 cloning (recombinant GST-tagged protein)

Gene	Forward primer	Reverse primer
GST-LMO7(360-460)	ttgtcgactCAAAAGATTTATGGTG	aaagcggccgctcaCTTTTGATTTTGGGATTCCCT
GST-LMO7(810-910)	ttgtcgactTCAGAAAAATCTCAAATC	aaagcggccgctcaTAGGCGTCTCTGCTCCT
GST-TRIP12(260-360)	tttgatccTTTGATTGGGCTGC	aaagcggccgctcaTTCAGGGTCTGCCATTTT
GST-TRIM56(400-500)	ttgtcgactCCGAAGACTGAGAGACAGG	aaagcggccgctcaCCGCGTGGGGAAACTG
GST-STING(149-379)	cccGGATCCgaaaaaggaattcaacg	cccGCGCCGCTcaagagaaatccgtcggagag
GST-TBK1(K38M)	aaaggatccATGCAGAGCACTTCTAATCATCT	aaagcggccgctTAAAGACAGTCAACGTTGCGAA